

BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND

PCT/DE 99 / 00909

EJU

DE 99 / 909

09 / 646569



Bescheinigung

Die metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH in Berlin/Deutschland hat eine Patentanmeldung unter der Bezeichnung

"Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustnormalgewebe"

am 20. März 1998 beim Deutschen Patent- und Markenamt eingereicht.

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patent- und Markenamt vorläufig die Symbole C 07 K, C 12 N und A 61 K der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 29. April 1999

Deutsches Patent- und Markenamt

Der Präsident

Im Auftrag

Joost

Aktenzeichen: 198 13 835.0

A 9161
06.90
11/98

PRIORITY DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH
RULE 17.1(a) OR (b)

02001

Kopie für Priobeleg 198 13 835.0

Zeichen der Anmelderin:

51572ADEM1XX24-P

Menschlich Nukl insäuresequenzen aus Brustnormalg web

5 Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Brustgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

10 Eine der Haupttodesursachen bei Frauen ist der Brustkrebs, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

25 Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -prolifertion wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

30 40 45 50

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1 bis Seq. ID No. 76 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Brusttumor eine Rolle spielen.

10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76.

15 Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76.

25 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

40 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76, die im Brustnormalgewebe erhöht exprimiert sind bzw. in Brusttumorgewebe vermindert exprimiert sind.

45 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76 hybridisieren.

50 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-5, 10-12, 14, 15, 19-21, 23-25, 28, 30, 31, 34, 37, 43, 45, 48, 50-52, 58-65, 68, 69 und 71-76 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen

5 zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

10 In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, 15 pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

25 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

30 30 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

40 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

45 Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

50 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen. 50 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine

5 Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID Nos 77-88, 10 90, 91, 93-95, 97-113, 115-127, 132-160.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige 15 Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID Nos. 77-88, 90, 91, 93-95, 97-113, 115-127, 132-160 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 76 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID Nos. 77-88, 90, 91, 93- 25 95, 97-113, 115-127, 132-160 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 30 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen Brustkrebs verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Brustkrebses, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung des Brustkrebses.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 enthalten.

40 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

45 Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

50 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten

BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die

5 entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID.

10 No. 1 bis Seq. ID No. 76, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Es wurde ferner gefunden, daß bestimmte Nukleinsäure-Sequenzen auch im Fettstoffwechsel eine Rolle spielen. Die Erfindung betrifft deshalb auch die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos.: 3, 37, 45, zur Behandlung von krankhaften Veränderungen des Fettstoffwechsels.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

5 Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der voliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

10 ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

15 Contig= Eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).

Singleton= Ein Contig, der nur eine Sequenz enthält.

15 Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

25 Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.

Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung

30 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung

Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.

Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern

40 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10 Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert.

15 20 25 30

Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Brustgewebe ESTs.

35 40 45 50

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.) Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt. Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

5 Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S , z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 39 gefunden, die 21x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

30 Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes alpha-B-Crystallin.

35

Das Ergebnis ist wie folgt:

40

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhältnisse	
		% Häufigkeit	% Häufigkeit	N/T	T/N
40	Blase	0.0139	0.0102	1.3639	0.7332
	Brust	0.0919	0.0044	21.0995	0.0474
	Eierstock	0.0091	0.0104	0.8765	1.1409
	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0027	5.3582	0.1866
45	Gastrointestinal	0.0213	0.0048	4.4784	0.2233
	Gehirn	0.1941	0.1358	1.4296	0.6995
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0995	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.2405	0.0000	undef	0.0000
50	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0324	0.0142	2.2824	0.4381
	Magen-Speiseröhre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.1456	0.0150	9.0893	0.1236
	Niere	0.0327	0.1643	0.1990	5.0254

	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857	1.4584
	Penis	0.0539	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0238	0.0149	1.5980	0.6258
	Uterus	0.0363	0.0356	1.0212	0.9793
5	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duenndarm	0.0156			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
15		Entwicklung	0.0000		
		Gastrointestinal	0.0031		
		Gehirn	0.0000		
		Haematopoetisch	0.0079		
20		Herz-Blutgefaesse	0.1063		
		Lunge	0.0074		
		Niere	0.0062		
		Prostata	0.0249		
		Sinnesorgane	0.0419		

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
		Brust	0.2925		
30		Eierstock-Uterus	0.0183		
		Endokrines_Gewebe	0.0000		
		Foetal	0.0379		
		Gastrointestinal	0.0244		
		Haematopoetisch	0.0000		
35		Haut-Muskel	0.0874		
		Hoden	0.0234		
		Lunge	0.0082		
		Nerven	0.0462		
		Prostata	0.0321		
40		Sinnesorgane	0.0542		

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 41 gefunden, die 15x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft humanes extrazelluläres Protein S1-5.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
55				
	Blase	0.0186	0.0026	7.2739 0.1375
	Brust	0.0666	0.0044	15.28950.0654
60				
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0436	0.7954 1.2573
	Gastrointestinal	0.0078	0.0095	0.8143 1.2281
	Gehirn	0.0288	0.0077	3.7599 0.2660
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000

5	Haut	0.0497	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0498	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0095	1.3168	0.7594
10	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0420	0.2039	4.9036
	Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Brust-Hyperplasie	0.0799			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0070			
20			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
30	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
35			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
	Brust	0.0272			
	Eierstock-Uterus	0.0068			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

50 2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 42 gefunden, die 12x stärker im normalen Brustgewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

55 Die mögliche Funktion dieses Genbereiches betrifft sezerniertes „frizzled-related protein“.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0511	0.0026	20.00330	0.0500
	Brust	0.0533	0.0044	12.23160	0.0818
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.6885	0.2133
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0099	0.6021	1.6609
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4996	2.0015
20	Niere	0.0535	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0231	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1126			
	Duenndarm	0.0156			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0615			
	Gastrointestinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0573			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0279			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
	Eierstock-Uterus	0.0205			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0117			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0161			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0139	0.0179	0.7793	1.2831
	Brust 0.0160	0.0022	7.3390	0.1363
10	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0109	0.3349	2.9861
	Gastrointestinal 0.0039	0.0238	0.1629	6.1405
	Gehirn 0.0102	0.0088	1.1612	0.8612
15	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0011	0.0137	0.0771	12.9744
	Hoden 0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge 0.0037	0.0071	0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0120	0.8565	1.1675
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0048	0.0128	0.3729	2.6818
	Uterus 0.0066	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0109			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0154			
	Gehirn 0.0313			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0041			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0371			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0068			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0012			
	Gastrointestinal 0.0244			
55	Haematopoetisch 0.0114			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0078			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0020			
60	Prostata 0.0128			
	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust	0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0143	0.0000 undef
	Gehirn	0.0093	0.0044	2.1288 0.4698
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342 2.3033
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0071	0.0064	1.1186 0.8939
	Uterus	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044		
			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0079		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0037		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0140		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0205		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Föetal	0.0052		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0065		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0050		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.1066	0.0065	16.308	0.0613
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0448	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Brust-Hyperplasie 0.0400			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
35	Entwicklung 0.0000	%Haeufigkeit		
	Gastrointenstinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust 0.0136			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0023			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0054	0.3349 2.9861
	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285 0.6141
	Gehirn	0.0034	0.0022	1.5482 0.6459
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0025	0.0024	1.0534 0.9493
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere	0.0089	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186 0.8939
	Uterus	0.0033	0.0214	0.1547 6.4632
	Brust-Hyperplasie	0.0073		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0160
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0155

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NCRMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0790		0.0435		1.3185	0.5499
	Brust 0.0187		0.0022		3.5621	0.1168
	Eierstock 0.0122		0.0000		undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0000		0.0027		0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0329		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn 0.0085		0.0033		2.5804	0.3875
	Haematopoetisch 0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut 0.0000		0.0000		undef	undef
15	Hepatisch 0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz 0.0212		0.0000		undef	0.0000
	Hoden 0.0122		0.0117		1.0447	0.9572
	Lunge 0.0025		0.0071		0.3511	2.8478
20	Magen-Speiseroehre 0.1159		0.0383		3.0238	0.3307
	Muskel-Skelett 0.0240		0.0000		undef	0.0000
	Niere 0.0000		0.0000		undef	undef
	Pankreas 0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Penis 0.0898		0.0000		undef	0.0000
	Prostata 0.0262		0.0192		1.3672	0.7314
	Uterus 0.0099		0.0427		0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0291					
	Duenndarm 0.0530					
	Prostata-Hyperplasie 0.0178					
	Samenblase 0.0445					
30	Sinnesorgane 0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000					

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
35	Entwicklung 0.0000	
	Gastrointenstinal 0.0092	
	Gehirn 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041	
	Lunge 0.0000	
	Niere 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
45	Brust 0.0000	
50	Eierstock-Uterus 0.0160	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0017	
	Gastrcintestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0000	
55	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0020	
	Prostata 0.0064	
60	Sinnesorgane 0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20		0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust	0.0476
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
55	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0073	0.0054	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn 0.0144	0.0110	1.3160	0.7599
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0025	0.0095	0.2634	3.7971
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0048	0.0149	0.3196	3.1288
	Uterus 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0149			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			

	FOETUS %Haeufigkeit	Entwickelung	
		Gastrointenstinal	Gehirn
35	Entwicklung 0.0000	0.0123	0.0000
	Gastrointenstinal 0.0123	0.0000	0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000	0.0000	0.0000
	Lunge 0.0000	0.0000	0.0000
	Niere 0.0124	0.0124	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0000	0.0000
	Sinnesorgane 0.0000	0.0000	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	BIBLIOTHEKEN	
		Brust	Uterus
45	Brust 0.0000	0.0091	0.0000
50	Eierstock-Uterus 0.0091	Endokrines_Gewebe 0.0245	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0245	Foetal 0.0029	0.0000
	Foetal 0.0029	Gastrointestinal 0.0000	0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	Haematopoetisch 0.0114	0.0000
55	Haematopoetisch 0.0114	Haut-Muskel 0.0000	0.0000
	Haut-Muskel 0.0000	Hoden 0.0000	0.0000
	Hoden 0.0000	Lunge 0.0000	0.0000
	Lunge 0.0000	Nerven 0.0080	0.0000
	Nerven 0.0080	Prostata 0.0128	0.0000
60	Prostata 0.0128	Sinnesorgane 0.0000	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0093	0.0022	4.2811 0.2336
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0024	0.0000	undef 0.0000
	Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
			FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0023		
50	Endokrines_Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0035		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0032		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0030		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0232		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0080	0.0022	3.6695	0.2725
	Eierstock 0.0091	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0128	0.0054	2.3442	0.4266
	Gastrointestinal 0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn 0.0042	0.0022	1.9353	0.5167
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere 0.0030	0.0137	0.2171	4.6066
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0083	0.0356	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie 0.0073			
	Duenndarm 0.0125			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0154			
	Gastrointestinal 0.0092			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0079			
	Herz-Blutgefaesse 0.0164			
40	Lunge 0.0074			
	Niere 0.0185			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0046			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0128			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0010			
55	Prostata 0.0064			
	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0022	0.7741	1.2918
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470
	Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointenstinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Herz-Blutgefaesse	0.0041
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0046
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0140
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0285
55	Haut-Muskel	0.0291
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0000
60		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef 0.0000
	Brust	0.0187	0.0022	8.5621 0.1168
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0076	0.0011	6.9669 0.1435
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3854 2.5949
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0025	0.0071	0.3511 2.8478
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef 0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0125		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0074		
	Niere	0.0185		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0140		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0023		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0040		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0093	0.0051	1.8185	0.5499
	Brust 0.0160	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0091	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0017	0.0011	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710	1.7513
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0000			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
40	Lunge 0.0074			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0558			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0023			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0064			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0032			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0010			
	Prostata 0.0064			
	Sinnesorgane 0.0000			
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0232	0.0026	9.0924 0.1100
	Brust 0.0306	0.0044	7.0332 0.1422
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0027	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0252	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0017	0.0011	1.5482 0.6459
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0249	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0148	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0037	0.0024	1.5801 0.6329
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0274	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0120	0.0267	0.4492 2.2260
	Prostata 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Uterus 0.0132	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0291		
	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0123		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
40	Herz-Blutgefaesse 0.0041		
	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	: Brust 0.0204		
50	Eierstock-Uterus 0.0068		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0047		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
55	Haut-Muskel 0.0000		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.0000	undef 0.0000
	Brust	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0017	0.0011	1.5482 0.6459
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0074	0.0275	0.2698 3.7070
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
			FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
40	Lunge	0.0037		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0140		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0065		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
55	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0064		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
55	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0019	0.0095	0.2036	4.9124
	Gehirn 0.0017	0.0000	undef	0.0000
15	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0064	0.0000	undef	0.0000
20	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere 0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
40	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust 0.0544			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0041			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0030			
	Prostata 0.0064			
	Sinnesorgane 0.0000			
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust 0.0133	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0033	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5710 1.7513
	Niere 0.0030	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0024	0.0064	0.3729 2.6818
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0109		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0000		
	Niere 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0068		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0023		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0000		
55	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185	0.5499
	Brust	0.0133	0.0022	6.1158	0.1635
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420	0.8756
	Niere	0.0149	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0031			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0041			
40	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0198			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0139	0.0153	0.9092 1.0998
	Brust 0.0173	0.0022	7.9505 0.1258
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0085	0.0142	0.5955 1.6794
	Haematopoetisch 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0298	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0106	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0037	0.0071	0.5267 1.8986
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0178	0.0068	2.6050 0.3839
	Pankreas 0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis 0.0000	0.0533	0.0000 undef
	Prostata 0.0048	0.0021	2.2373 0.4470
	Uterus 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0327		
	Duenndarm 0.0062		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0244		
	FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0000		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0039		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
40	Lunge 0.0074		
	Niere 0.0062		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0279		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock-Uterus 0.0023		
50	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0114		
	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nerven 0.0050		
55	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
60			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0651	0.0204	3.1823 0.3142
	Brust	0.0400	0.0065	6.1158 0.1635
	Eierstock	0.0213	0.0026	8.1803 0.1222
	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0163	0.6698 1.4930
10	Gastrointestinal	0.0271	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0119	0.0066	1.8062 0.5536
	Haematopoetisch	0.0196	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651 1.3069
15	Herz	0.0286	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0174	0.0047	3.6870 0.2712
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5198 0.3968
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0120	1.7130 0.5838
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025 0.7678
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0599	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0214	0.0362	0.5922 1.6886
	Uterus	0.0430	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0254		
	Duenndarm	0.0343		
	Prostata-Hyperplasie	0.0297		
	Samenblase	0.0356		
	Sinnesorgane	0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0092		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0197		
	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
40	Lunge	0.0185		
	Niere	0.0309		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0816		
	Eierstock-Uterus	0.0160		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0105		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0040		
	Prostata	0.0385		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	N/T	Verhaeltnisse T/N
5					
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0187	0.0022	8.5621	0.1168
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
35					
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
50					
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
55	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
60	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
			%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T
5	Blase	0.0139	0.0128	1.0911	0.9165
	Brust	0.0160	0.0022	7.3390	0.1363
10	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1669	5.9900
	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0082	0.6698	1.4930
	Gastrointestinal	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0034	0.0164	0.2064	4.8443
	Haematopoetisch	0.0126	0.0000	undef	0.0000
15	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0170	0.0275	0.6166	1.6218
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0174	0.0071	2.4580	0.4068
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6300	1.5874
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0180	1.0469	0.9552
	Niere	0.0297	0.0137	2.1708	0.4607
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0017	0.0285	0.0580	17.2351
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0339			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Herz-Blutgefaesse	0.0041			
	Lunge	0.0111			
	Niere	0.0124			
45	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0419			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0411			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
55	Foetal	0.0525			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
60	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.0102	0.9092 1.0998
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579 0.3270
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843 1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0082	1.5628 0.6399
	Gastrointestinal	0.0174	0.0095	1.9321 0.5458
	Gehirn	0.0127	0.0153	0.8294 1.2057
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0149	0.0194	0.7651 1.3069
	Herz	0.0085	0.0137	0.6166 1.6218
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0212	0.0189	1.1193 0.8934
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0120	1.9985 0.5004
	Niere	0.0119	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0114	0.0166	0.6857 1.4584
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369 2.9680
	Prostata	0.0191	0.0298	0.6392 1.5644
	Uterus	0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0109		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0178		
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0247
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0074
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
50	Eierstock-Uterus	0.0160
	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0245
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0211
	Prostata	0.0256
60	Sinnesorgane	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0179	0.0000	undef
	Brust	0.0466	0.0131	3.5675	0.2803
	Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372	0.4279
10	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0300	0.7916	1.2633
	Gastrointestinal	0.0136	0.0238	0.5700	1.7544
	Gehirn	0.0424	0.0263	1.6127	0.6201
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0198	0.0065	3.0606	0.3267
	Herz	0.0265	0.0687	0.3854	2.5949
	Hoden	0.0244	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0336	0.0236	1.4221	0.7032
20	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.0307	1.5749	0.6350
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0240	0.6424	1.5567
	Niere	0.0119	0.0274	0.4342	2.3033
	Pankreas	0.0133	0.0166	0.8000	1.2501
	Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0095	0.0170	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0291			
	Duenndarm	0.0187			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointenstinal	0.0277
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0236
40	Herz-Blutgefaesse	0.0368
	Lunge	0.0407
	Niere	0.0309
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0279

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust	0.0136
50	Eierstock-Uterus	0.0228
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0280
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0171
55	Haut-Muskel	0.0648
	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0221
	Prostata	0.0192
60	Sinnesorgane	0.1393

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370	0.2750
	Brust	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465	2.2395
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5198	0.3968
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428	2.9168
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
			FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0041			
	Lunge	0.0037			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0114			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
55	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0128			
	Sinnesorgane	0.0000			
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.0026	3.6370 0.2750
	Brust	0.0293	0.0087	3.3637 0.2973
	Eierstock	0.0091	0.0156	0.5843 1.7114
10	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745 0.5972
	Gastrointestinal	0.0155	0.0190	0.8143 1.2281
	Gehirn	0.0008	0.0077	0.1106 9.0427
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0249	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0050	0.0194	0.2550 3.9208
15	Herz	0.0053	0.0550	0.0963 10.3795
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0075	0.0071	1.0534 0.9493
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1406 0.3184
	Niere	0.0119	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0095	0.0276	0.3428 2.9168
	Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0119	0.0128	0.9322 1.0727
	Uterus	0.0116	0.0000	undef 0.0000
20	Brust-Hyperplasie	0.0145		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0470		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
			FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0154		
	Gastrointestinal	0.0092		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0079		
	Herz-Blutgefaesse	0.0164		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0062		
	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.0000		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0068		
	Eierstock-Uterus	0.0183		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	foetal	0.0105		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0194		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0020		
	Prostata	0.0192		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

		NORMAL	TUMOR	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	Verhaeltnisse
5		Blase	0.0139	0.0077	0.0044	N/T 1.8185 0.5499
		Brust	0.0227	0.0044	0.0156	T/N 5.1984 0.1924
		Eierstock	0.0030	0.0054	0.0030	0.1948 5.1343
10		Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0143	0.0030	2.0093 0.4977
		Gastrointestinal	0.0136	0.0033	0.0050	0.9500 1.0527
		Gehirn	0.0059	0.0000	0.0062	1.8062 0.5536
		Haematopoetisch	0.0028	0.0000	0.0000	undef 0.0000
		Haut	0.0000	0.0000	0.0000	undef undef
		Hepatisch	0.0050	0.0000	0.0000	undef 0.0000
15		Herz	0.0064	0.0137	0.0064	0.4624 2.1624
		Hoden	0.0366	0.0000	0.0000	undef 0.0000
		Lunge	0.0050	0.0000	0.0000	undef 0.0000
		Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	0.0000 undef
		Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	0.0000	undef 0.0000
		Niere	0.0030	0.0000	0.0000	undef 0.0000
20		Pankreas	0.0038	0.0055	0.0000	0.6857 1.4584
		Penis	0.0210	0.0000	0.0000	undef 0.0000
		Prostata	0.0024	0.0106	0.0024	0.2237 4.4697
		Uterus	0.0050	0.0000	0.0000	undef 0.0000
		Brust-Hyperplasie	0.0073	0.0000	0.0000	
		Duenndarm	0.0218	0.0000	0.0000	
		Prostata-Hyperplasie	0.0030	0.0000	0.0000	
		Samenblase	0.0000	0.0000	0.0000	
		Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	
30		Weisse_Blutkoerperchen	0.0035	0.0000	0.0000	
		FOETUS				
		%Haeufigkeit				
35		Entwicklung	0.0000	0.0000	0.0000	
		Gastrointestinal	0.0123	0.0123	0.0123	
		Gehirn	0.0000	0.0000	0.0000	
		Haematopoetisch	0.0000	0.0000	0.0000	
		Herz-Blutgefaesse	0.0041	0.0041	0.0041	
40		Lunge	0.0037	0.0037	0.0037	
		Niere	0.0000	0.0000	0.0000	
		Prostata	0.0249	0.0249	0.0249	
		Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	
45		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit				
		Brust	0.0272	0.0272	0.0272	
		Eierstock-Uterus	0.0046	0.0046	0.0046	
50		Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	0.0000	
		Foetal	0.0070	0.0070	0.0070	
		Gastrointestinal	0.0000	0.0000	0.0000	
		Haematopoetisch	0.0285	0.0285	0.0285	
		Haut-Muskel	0.0000	0.0000	0.0000	
55		Hoden	0.0156	0.0156	0.0156	
		Lunge	0.0164	0.0164	0.0164	
		Nerven	0.0100	0.0100	0.0100	
		Prostata	0.0256	0.0256	0.0256	
		Sinnesorgane	0.0000	0.0000	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.0128	0.7274 1.3748
	Brust	0.0200	0.0044	4.5868 0.2180
	Eierstock	0.0091	0.0078	1.1686 0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0191	0.0957 10.4512
	Gastrointestinal	0.0116	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0110	0.0197	0.5591 1.7887
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0021	0.0137	0.1541 6.4872
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge	0.0075	0.0118	0.6321 1.5821
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714 14.0102
	Niere	0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0238	0.0192	1.2429 0.8046
	Uterus	0.0116	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0125		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0178		
	Sinnesorgane	0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061		
	FOETUS %Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0092		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0157		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0074		
	Niere	0.0062		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0136		
50	Eierstock-Uterus	0.0068		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0192		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0114		
55	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden	0.0234		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0131		
	Prostata	0.0064		
60	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0147	0.0022	6.7274	0.1486
	Eierstock	0.0091	0.0052	1.7529	0.5705
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Gehirn	0.0008	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
			FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0279			
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.0000			
50	Eierstock-Uterus	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0227	0.0022	10.3969	0.0962
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
50	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0017			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5				
10	Blase 0.0325	0.0077	4.2431	0.2357
	Brust 0.0386	0.0065	5.9119	0.1691
	Eierstock 0.0122	0.0000	undef	0.0000
15	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0027	1.3396	0.7465
	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn 0.0110	0.0033	3.3545	0.2981
	Haematopoetisch 0.0140	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0149	0.0000	undef	0.0000
20	Hepatisch 0.0099	0.0065	1.5303	0.6535
	Herz 0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0230	0.8399	1.1905
	Muskel-Skelett 0.0137	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas 0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis 0.0120	0.0000	undef	0.0000
30	Prostata 0.0071	0.0021	3.3559	0.2980
	Uterus 0.0165	0.0071	2.3208	0.4309
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
40	Gastrointenstinal 0.0062			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0079			
45	Herz-Blutgefaesse 0.0041			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0544			
	Eierstock-Uterus 0.0114			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
55	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0114			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0060			
60	Prostata 0.0128			
	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	Verhaeltnisse T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.1053	0.0131	8.0525	0.1242
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0084	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0012	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9279	1.0777
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0618			
	Duenndarm	0.0093			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
			FOETUS %Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0062			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
	Brust	0.1632			
	Eierstock-Uterus	0.0000			
50	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
55	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0227	0.0044	5.1984	0.1924
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn 0.0000	0.0099	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0037	0.0047	0.7901	1.2657
20	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0154	0.0060	2.5696	0.3892
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0191	0.0043	4.4745	0.2235
	Uterus 0.0017	0.0427	0.0387	25.8527
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0125			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0031			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0185			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
50	Eierstock-Uterus 0.0068			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0012			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0082			
	Nerven 0.0020			
	Prostata 0.0128			
60	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0325	0.0051	6.3647 0.1571
	Brust 0.0267	0.0065	4.0772 0.2453
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1686 0.8557
10	Endokrines_Gewebe 0.0146	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0039	0.0095	0.4071 2.4562
	Gehirn 0.0068	0.0307	0.2212 4.5213
	Haematopoetisch 0.0028	0.0378	0.0739 13.5274
	Haut 0.0149	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0198	0.0129	1.5303 0.6535
	Herz 0.1303	0.3299	0.3950 2.5316
	Hoden 0.0183	0.0351	0.5224 1.9144
	Lunge 0.0174	0.0118	1.4748 0.6781
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0460	0.2100 4.7622
20	Muskel-Skelett 0.0188	0.0300	0.6281 1.5921
	Niere 0.0119	0.0479	0.2481 4.0308
	Pankreas 0.0057	0.0055	1.0285 0.9723
	Penis 0.0180	0.0267	0.6739 1.4840
	Prostata 0.0143	0.0021	6.7118 0.1490
	Uterus 0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0327		
	Duenndarm 0.0093		
	Prostata-Hyperplasie 0.0208		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.1058		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0031
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0074
	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0977

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust 0.0408
	Eierstock-Uterus 0.0137
50	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0122
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
55	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0246
	Nerven 0.0090
	Prostata 0.0000
60	Sinnesorgane 0.0852

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust	0.0253	0.0044	5.8100 0.1721
	Eierstock	0.0152	0.0338	0.4495 2.2249
10	Endokrines_Gewebe	0.0109	0.0054	2.0093 0.4977
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0136	0.0044	3.0964 0.3230
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0062	0.0024	2.6336 0.3797
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342 2.3033
	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714 5.8337
	Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0095	0.0064	1.4915 0.6705
	Uterus	0.0083	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0096		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0123
	Gehirn	0.0188
	Haematopoetisch	0.0079
40	Herz-Blutgefaesse	0.0082
	Lunge	0.0111
	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0023
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0099
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0064
60	Sinnesorgane	0.0000

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:120:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

GGECSFGHCE ASGRGSDCSR THGREEALTG LPACEVSGLE VQRSPADKDG IRHEVP 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:121:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

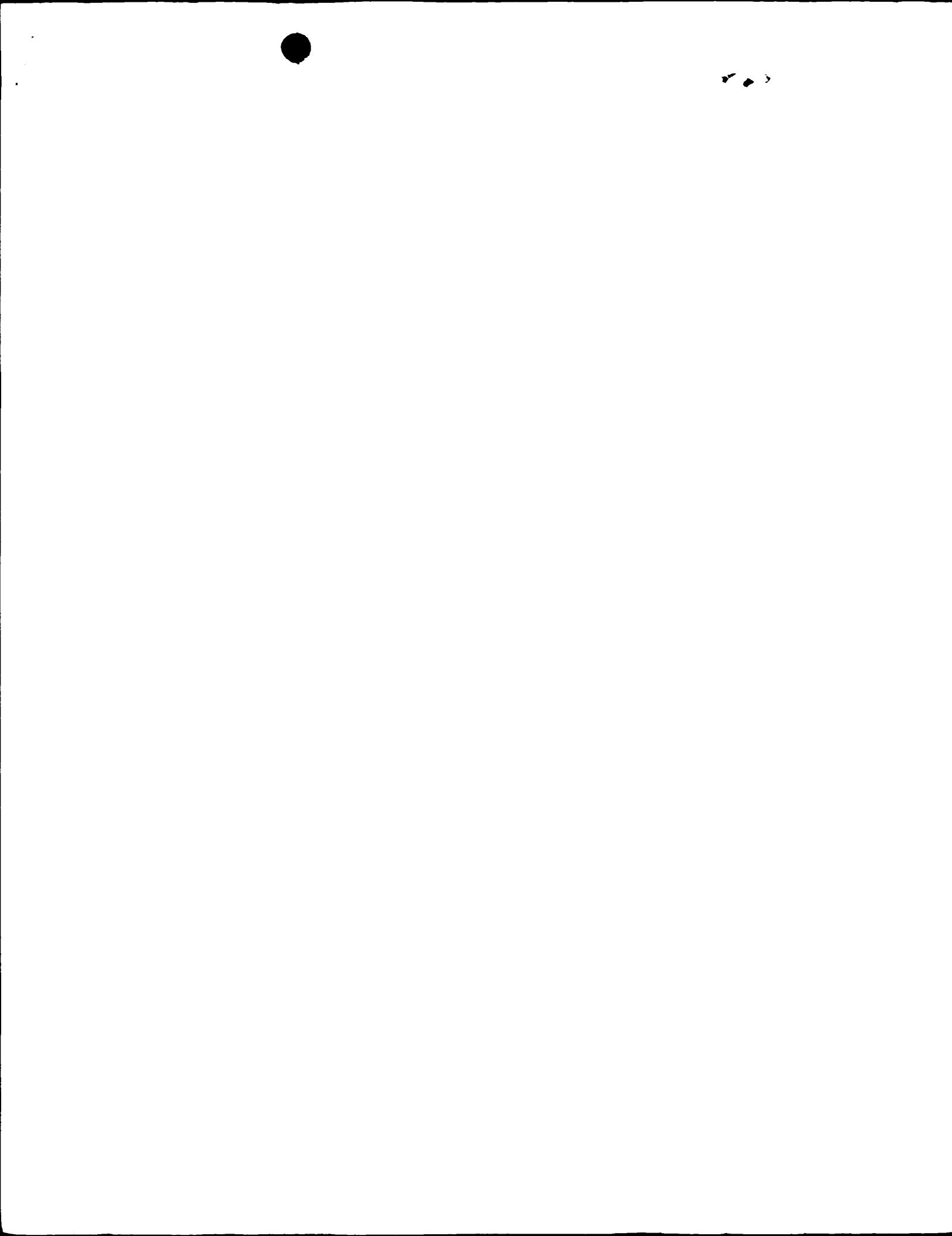
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

PSLPQVPLQA CVSAYLCGDP AAAVGAQPQG PQGPALPRKH GGSKREEGHH GLQS 54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:122:

- (A) LÄNGE: 193 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear



(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

TNEHTLTSYL QLPFSFNRIV KASCILI

27

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

PGGCEGENVL LATVKPQEGA RIAQGPMGER RL

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

RSNAVQLTRM EYAMKSLSL YPKSLSRHVS VRTSVVTQQL LSEPSPKAPR ARP CRV STAD 60
 RSVRKGIMAY SLEDLLLKVR DTLMMLADKPF FLVLEEDGTT VETEEYFQAL AGDTV FMV LQ 120
 KGQKWQPPSE QGTRH 135

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

PVIYSVLIRS EIRYKISR PV TTDFIKSESL ILACLYLISE RMSTL

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

PDCESFMYFN LDSVFLRVLS MKLADSRQDS FFHHGWLISP

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

- (A) LÄNGE: 27 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

CNASPEWCYE VPLCRRFHQQ LTVVPSTRTC FEIS

94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

- (A) LÄNGE: 324 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

GLSTFQNWL P	STPATSWGGL	TSSRTTDNGG	EQTALSPQEA	PFSGIISTPPD	VLSVGPEPAW	60
EAAATTKG LA	TDVATFTQGA	APGREDTGLL	TTTHGPEEAP	RLAMLQNELE	GLGDIFHPMN	120
EEQAQLAAS	QPGPKVLSAE	QGSYFVRLGD	LGPSFRQRAF	EHAVSHLQHG	QFQARDTLAQ	180
LQDCFRLIEK	AQQAPEGQPR	LDQGSGASAE	DAAVQEERDA	GVLSRVCGLL	RQLHTAYSGL	240
VSSLQGLPAE	LQQPVGRARH	SLCELYGIVA	SAGSVEELPA	ERLVQSREGV	HQAWQGLEQL	300
LEGLQHNPP	PL SWLVGP	FALP AGGQ				324

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

IAMTPPNATE	ASKPQGTTVC	PPCDNELKSE	AIIIEHLCASE	FALRMKIKEV	KKENGDKKIV	60
PKKKKPLKLG	PIKKKDLKKL	VLYLKNGADC	PCHQLDNLSH	HFLIMGRKVK	SQYLLTAIHK	120
WDKKNKEFKN	FMKKMKNHEC	PTFQSVF				148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

WATPNHYCFL KVfspsspgt Altalqskhw Ttrawlkg

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:111:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

RYFHPLRLVQ PSQLFRASTG LQGHGSQKVN GWGLPSPG

38

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:112 :

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

RKMLRAALPA LP1PRCKYTL F1IAHMGPY LLALVMLKS WPWERCLPGR HSCLVQAKPL 60

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

NELKASGGEI KIHKMEQKEN VPPGPEVCIT HQEGEKISAN ENSLAVRSTP AEDDSRDSQV 60
 KSEVQQPVHP KPLSPDSRAS SLSESSPPKA MKKFQAPARE TCVECQKTVY PMERLLANQQ 120
 VFHISCFRCS YCNNKLSLGT YASLHGRIYC KPHFNQLFKS KGNYDEGFGH RPHKDLWASK 180
 NENEELERP AQLANARETP HSPGVEDAPI AKGGVLAASM EAKASSQQEK EDKPAETKKL 240
 RIAWPPPTEL GSSGSALEEG IKMSKPWKPP EDEISKPEVP EDVDLDLKKL RRSSSLKERS 300
 RPFTVAASFQ STSVKSPKTV SPPIRKGWSM SEQSEESVGG RVAERKQVEN AKASKKNGNV 360
 GKTTWQNKES KGETGKRSKE GHSLEMENEN LVENGADSDE DDNSFLKQQS PQEPKSLNWS 420
 SFVDNTFAEE FTTQNQKSQD VELWEGEVVK ELSVEEQIKR NRYYDEDEDE E 471

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 109 :

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

SLLLPKGIFT LFAWYSPHSS SEQALDYKGM AHKRLMDGGY LALANSPSIP NSLSLFEEKC 60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

(A) LÄNGE: 39 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

HLLSPPPHILG TAFSSTGNGT DGQKTSITFM KGLLELPGKK ACLGELGRCR QCGWAGGQPV 60
VLLPAQ 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

- (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

PTSLIWPTTM FCSVHVLFKS ILNWLPSFKL NQTLKAWSSH TGPTFPHGNY ERAPAQQGLS 60
RSLPPPLPVP QIWPLLKIR TATGPSEPKP T 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

LLPSFFLHES LSIYFPHPTF LEQPLVLIQEM ALMDRRRLALP S

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (A) LÄNGE: 471 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

MRTHVLCYHW PRKRESQDSR AWTWGKGLLW DSAPQPLGGP RVWGQDWVSA LTHRISPGPK	60
AEKKSGRRSR RQGWWTKVGV RLKSGSETRF DHTHPSVPP GQHAPLEPLH RLIRTRQNLL	120
LTNLLRAVYR GITLVQEGCP SCFHHTTGPT IPLLASLRRP RDPQKPGEKE SWPLVSTAFR	180
ATGGDAQMTW VKGLSQT	197

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

SEARNAPSGT AQTFAAMGFMT GTIISMYQTK AVIIAMIITA VVSISVTIFC FQTKVDFTSC	60
TGLFCVLGIV LLVTGIVTSI VLYFQYVYWL HMLYAALGAI CFTLFLAYDT QLVLGNRKHT	120
ISPEDYITGA LQIYTDIIYI FTFVLQLMGD RN	152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

MGKGLGEDGQ QRARESWTSQ RRRPQQVQSR AATSCPAGCL EGRGQRRVMS LQLGEGPSEL 60
HVAFSQREQE GRIGRENNGE GTCEGKQGGS ERFDQPAITV FWLSYLLARRL RDRYITS 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

MNRGPPTFWT FEDRGAKRDR SARGPHPAPL GEPLLTVVSL RLHQLVGLQA SPPDSPHCWA 60
TLNLKFHCRA PPTPTPKFPK EMSKTHAHTY IHTCTCAHTS CVTTGQGNAS LRIPGPGPGV 120
KGCSGTLPPN LLEDPECGGR IGCLP 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (A) LÄNGE: 197 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

FFFLYFNQVFY WSGNCKIYKF LKGISCLKAS IALYPRSLIQ TNTQNTTEKS

59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

MGNKEPGSHG HRSDADPSRF SPVLPPAVQL GVWREEGRGG SCPFSWGRGP VSSTWLFPKG 60
SKREGLGEKT MERGPAKENR EEVSGLISLL SRCSGSLI 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

RGAGTQPGPL LKKPYQPRIK ISKTSVDGDP HFVVDPLSR	LTVCFNIDGQ PGDILRLVSD	60
HRDSGVTVNG ELIGAPAPPN GHKKQRTYLR TITILINKPE	RSYLEITPSR VILDGGDRLV	120
LPCNQSVVVG SWGLEVSVSA NANVTVTIQQ SIAFVILHL	YKKPAPFQRH HLGFYIANSE	180
GLSSNCHGLL GQFLNQDARL TEDPAGPSQN LTHPLLLQVG	EGPEAVLTVK GHQVPVVWKQ	240
RKIYNGEEQI DCWFARNNAA KLIDGEYKDY LASHPFDTGM	TLGQGMSREL	290

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

NQFTSCILFC DGGHWRELLF QSIMSSHWTL KILLVPLFYL SLEFFPSGFVL CLANDLGYHF	60
SSRVRS	66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

VPGALPLAVG PPPPPSGFPR NVQPRRPSQS LGRVMSAGPD KRPLGTLCCF VSFL	54
---	----

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

GFHPTFVRLV SNSLTFVIIPP RLGLPKVPGI TRHEPITPWS TFF

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- (A) LÄNGE: 188 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

MPVLREYLMS GGICPVSRTD IDYLLSKNGS GNAIIVVGG AAESLSSMPG KNAVTLRNRK 60
 GFVKLALRHG ADLVPYIYSFG ENEVYKQVIF EEGSWGRWVQ KKFQKYIGFA PCIFHGRGLF 120
 SSDTWGLVPY SKPITTIVGEP PITIPKLEHP TQQDIDLYHT MYMEALVKLF DKHKTGFGLP 180
 188
 ETEVLEVN

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (A) LÄNGE: 290 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

```

MDLSLLWVLL PLVTMAWGQY GDYGYPYQQY HDYSDDGWVN LNRQGF SYQC PQGQVIVAVR 60
SIFSKKEGSD RQWNYACMPT PQSLGEPTEC W WEEINRAGM E WYQTC SNNG LVAGFQSRYF 120
ESVLDREWQF YCCRYSKRCP YSCWLTT EYP GHYGEEMDMI SYNYDYYIRG ATTTFSAVER 180
DRQWKFIMCR MTEYDCEFAN V 201

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

```

MGNGLSEERG NNFNHSIPI P PVPHPRSVIQ QAEELHTPQ KRLMTPWEES NVMQDKDAPS 60
PKPRLSPRET I FGKSEHQNS SPTCQEDEED VRYNIVHSLP PDINDTEPVT MIFMGYQQAE 120
DSEEDKKFLT GYDGIIHAEL VVIDEEED EGEAEKPSYH PIAPHSQVYQ PAKPTPLPRK 180
RSEASPHENT NHKSPHKNSI SLKEQEESLG SPVHHSPFDA QTTGDGTEDP SLTALRMRMA 240
KLGKKVI 247

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- (A) LÄNGE: 314 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

```

KRCQRKQPLR GIGILKQAIQ KMQMNTNQLT SIHADLCQLC LLAKCFFKPAL PYLDVDMMDI 60
CKENGAYDAK HFLCYYYYGG MIYTGLKNFE RALYFYEQAI TTPAMAVSHI MLESYKKYIL 120
VSLILLGKVQ QLPKYTSQIV GRIKPLSNA YHELAQVYST NNPSELRNLV NKHSETFTRD 180
NNMGLVKQCL SSLYKKNIQR LTKTFLTLSL QDMASRVQLS GPQEAEKYVL HMIEDGEIFA 240
SINQKDGMVS FHDNPEKYNN PAMLHNIDQE MLKCIELDER LKAMDQEITV NPQFVQKSMG 300
SQEDDSGNKP SSYS                                         314

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

```
VLQEKIKIKKK EKKEKIKFKN CFENVQIKSN ILIIHLHVLL NILIMWMFTL CMILAEYH 58
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

NRGGVGFGVG WSLPFELLIF MSRLQNSRVG LTMWGGGGSS LFFYFQVHSW GWWGGRRIPL 60
 PKPLVCAELA L 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

YRHEPLYPAF PYKIQRENFY TFIPQIKQVL SSYRALARSI CKRNLKFSCR IKLDK 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- (A) LÄNGE: 411 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

LATHSPQKSH QCAHCEKTFN RKDHKNHLQ THDPNKMAFG CEECGKKYNT MLGYKRHLAL 60
 HAASSGDLTC GVALELGST EVLLDHLKAH AEEKPPSGTK EKKHQCDHCE RCFYTRKDVR 120
 RHLVVHTGCK DFLCQFCAQR FGRKDHLTRH TKKTHSQELM KESLQTGDLL STFHTISPSF 180
 QLKAAALPPF PLGASAQNGL ASSLPAEVHS LTLSPPPEQAA QPMQPLPESL ASLHPSVSPG 240
 SPPPLPLPNHK YNTTSTSYP LASLPLKADT KGFCNISLFE DLPLQEPQSP QKLNPGFDLA 300
 KGNAGKVNLK KELPADAVNL TIPASLDLSP LLGFWQLPPP ATQNTFGNST LALGPGESLP 360
 HRLSCLGQQQ QEPPLAMGTV SLGQLPLPPI PHVFSAGTGS AILPHFHAF R 411

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

GTRHPLSLSH KPAKKIDVAR VTFDLYKLNP QDFIGCLNVK ATFYDTYSLS YDLHCCGAKR 60
IMKEAFRWAL FSMQATGHVL LGTSCYLQQL LDATEEGQPP KGKASSLIPT CLKILQ 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

- (A) LÄNGE: 167 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

FIANSLISHA SMLANSLTNV LGWGPEGREH HESTACEAGL LRGRLHANGG TDFRTSLDGL 60
SCLGQEGAGS GQELEVLLWP THPRFPAPPP HSGSCAVREV WGGSRLYSCQ ACGHYQLSVR 120
PPVSPSLGKA SKDLGFHCSI FRQVGIRDEA LPLGGCPSSV ASRSCCR 167

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

LGQDSHQHIT HVLLGREKQY IPVERSQSIS GRNVVKGGRC YAAAPSVPEV AVIP

54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

GDQAHREQGK EQAMFDKKVQ LQRMVDQRSV ISDEKKVALL YLDNEEEEND GHWF

54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

;

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

KTPSLQS GTK NNK WSC AMLY CFAQN

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81 :

(A) LÄNGE: 29 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

;

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

DPVSTKQNEK QQMELCYVVL LCTKLGTGV

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

;

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

PKRRVSDTSS GPTPCMEEPIL GRTHYSQLRK KS

32

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

MRTSKFILFI FSDVGNGLGF KRELEEGMFD SHRRFLQQMP LLAISHFFPQ ILPTEAQAF	60
VS	62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

RPRLYKAKRK TTNGVVLCCI ALHKIRNRCL TIEFVFCEF

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

tccctgagga gtqqqcattc tgggccagcc ggcgctggct tcgtgcctcc acgtgggcca 780
 gccccagctg ctccgtgtt cctggcggt gcaatttact gtgctgctga gtgtgaggtc 840
 atctccggag cgtttcagc agcccctggc tctgcggcg tcttccggg ctgtgggcat 900
 gcagggaaat ggctgtgagg cagtctgcgc tggccctg cctctgccc gcgagaggcc 960
 gtgggctctg gacaqccgc cttcaggct gggtagcag qtcagtcag gcaggaagca 1020
 gcacctgccc cccgcgccc cccagccca gcctgagtgc aggagctgca ggaccgcgg 1080
 gggctttcc agctactctg ttccctcacc tcctccctt tcagcctcg ccaagcaccc 1140
 ggaagaccc caggctgacc cttgagcag cagttagcac aggtgcgtgg gggcgtgagg 1200
 gaggcagggc cttcaccaca ggcccttcc tctgtccctt ctgcttttcc ttctctgccc 1260
 aggccgctgc agctgcacag cctctgtac acctgggctg cctgggaggc ttccctggtgt 1320
 ggtgtctgaa ccccacggcc ttgggtcatac ctgtggctgg tctgggggtgg ggtctgttgt 1380
 ggtccttcca cggtgtcagt gcctgaagt ccctcgctt tggggggggg gtctctcacc 1440
 cccaggccac atagggccag tggtaggggt tccctctatg tcgggcagtg ctgagggtcg 1500
 ggatgctctg tgaccccagc tggagccac acctaaggc tggcatccac atcatttcac 1560
 cctgcagtga gggaaagaggc caccagggtgg cagcacagcc acaccgcgtt ccacgtcaga 1620
 ggagggcaag gctgggtact cagcagccac tctgagccgg ggctcccttcc aggagctgaa 1680
 atccacctgt ctccatctt cttgcctgcc tgggtactca tgccaaagcag agactggat 1740
 taggggttct gtgctcttgc ctaatttagga acattctccc atgtctcttgc tgggtccca 1800
 gaaggagaag tgagtttgc aaggatatgg ggcaggaggc tccctctgtc gaccccttgc 1860
 agcctggagc cagccccggg actgtccctgg gtggaggggca ggtgaacaca agctgctgcc 1920
 ggggactgtc ctgggtggac ggcagggtgaa cacaagccgc tggcgcattgt agccactcac 1980
 tcgactttt ttcagctgtg accattctg ggagctttt gagecttctt gtctcatttt 2040
 gaaccagggg gaaccaggaa ggggctctg gcctctctgt gtccctctgca gtgggggttg 2100
 tggggggcgc agatccacgc cttgctgccc ttcttcatg aagtctgttt tttaagtgt 2160
 gttcccccg aatattttat gcagaggagg gaaaattttat agtggcaatt attttctcac 2220
 agtctggta gcaggcaatt aattaggagt aaggggggctt agtagagcgt ggcgtgtggc 2280
 agaatcgac cccccccggc ccccaagccca ccgcctatgca gggctcgcgt gcggggaaaac 2340
 taatatgccg gcgtttaagc ctgtccccct ctgctgggtg taactgcgt gaaataaaatg 2400
 atctgacaat gtaaaaaaaaaaat 2419

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

- (A) LÄNGE: 366 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

IASARLEEV GKLOVARNLI MRGTEMCPKS EDVWLEAARL QPGDTAKAVV AQAVRHLPS 60
 VRIYIRAAEL ETDIRAKKRV LRKALEHVPN SVRLWKAIVE LEEPEDARIM LSRAVECCPT 120
 SVELWLALAR LETYENARKV LNKARENIPR DRHIWITAAK LEEANGNTQM VEKIIDRAIT 180
 SLRANGVEIN REQWIQDAEE CDRAGSVATC QAVMRAVIGI GIEEEDRKHT WMEDADSCVA 240
 HNALECARAI YAYALQVFPS KKSVWLRAAY FEKNHGTRES LEALLQRAVA HCPKAEVLWL 300
 MGAKSKWLAG DVPAARSILA LAFQANPNSE EIWLAAVKLE SENDEYERAR RLLAKARTVP 360
 PPPGCS 366

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

tgggcacgccc	cggccccgtac	cccggccccgc	tgtggccgc	gccccgaggcc	ccggccgctgg	60
agagcggccga	gcgcgtgggg	cccgcggccgc	atctgtgggc	cgacgtggac	ctcaccggagt	120
tcgaccaggta	cctcaactgc	agccggactc	ggccccgacgc	ccccgggctc	ccgttaccacg	180
tggcaactggc	caaactggc	ccgcgcgc	tgttctggcc	agaggagagc	agcctgatct	240
ccgcgtgtc	ggacgcccagc	agcgcgggtct	attacagcgc	gtgcattctcc	ggcttagggcc	300
ccggcgccgc	ccgggtccct	gcagcgcttc	ctcccgacgc	cccccgaccc	gatccgaccg	360
cgtcgctgcc	gctctgtct	ctcatacgcg	tgtatgtttg	gttccatgtc	acagccccct	420
aggagccagt	gatgtctggc	cttgcgc	ttccacctcc	caggccaccc	tttctgggct	480
tctggggccac	ctggccctcg	ggggccccctg	cgagggtgcc	tggagttccc	acgtgtcccg	540
gggctttcc	aggaagcccc	agccccaggac	ctgttggcag	agttgccagg	gttacatttt	600
tgaagcacct	gctccttttc	ttgcagtgt	ttttctacaa	ccagattgt	ttaatatttt	660
ttactttgcc	cttttaaaaa	atatacctaa	tacaatata	ttaatttta	attaaactct	720
taaacttttc	ttccaagaga	aaggagc				747

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2419 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

cttttggcac	ccagttaccgg	atagttggacc	tgctgggtgga	agccgcgggg	cccgccagg	60
gatcgctcgca	tggaaatttct	ggtgtggagct	gtcccccaagg	aagggttccg	ggtacctcg	120
gcccggatggg	gcaggggcagt	tctgtctttat	tcaaaaaaaaa	catgagcgg	tgctaaggcc	180
gggtgggtctc	ctgggcctcg	gtctggggct	cttccggct	gtctggccct	ggccgtcgct	240
ggacactgcta	agtggcccac	agtggcagcg	aggccccgt	cccggggctg	gggtgggaga	300
ccccgggctg	agtgtgtgtgg	cttctgggt	ggggggcgatg	gaaacaggaa	accaagcagt	360
gggatcgca	cgttggtcac	tgcggggcga	gtggccggct	ttctgtttct	gccttgc	420
tccccacgg	acctggttcc	caggtaaaa	tgaaaggagg	ggagaqagt	agaacagaac	480
atccataaaa	ggatatttcc	taataggct	caagatgt	atgcggagaa	tgtatgat	540
ctttctcgca	gatgaaaacta	ttagaaaagg	tcttagat	ttggcaggtag	gtttggagc	600
aggcgccgag	acatttctga	gcatgaggac	gagctacagc	agctccctgg	gtggggctgc	660
ctgcgggatg	ggggggagagg	atggccctgga	gaacggccct	cccaagtgtgg	aaaggccctt	720

tttttctt cctgtaaaga aacatttcct ttgaacttga ttgcctatgg atcaaagaaa 1260
 ttcagaacag cctgcctgtc ccccccgaact tttacatat atttgttca tttctgcaga 1320
 tgaaaagttg acatgggtgg ggtgtccca tccagcgaga gagttcaaa agcaaaacat 1380
 ctctgcgtt tttcccaagt accctgagat acttcccaaa gcccttatgt ttaatcagcg 1440
 atgtatataa gccagttcac ttagacaact ttacccttct tgcataatgt acaggaagta 1500
 gttctaaaaa aaatgcataat taatttcttc ccccaagcc ggattcttaa ttctctgcaa 1560
 cactttgagg acatttatga ttgtccctt gggcaatgc ttataccag tgaggatgct 1620
 gcagtgaggc tgtaaagtgg cccctgcgg ccctagcctg accccggagga aaggatggta 1680
 gattctgtt actcttgaag actccagat gaaaatcagc atgcccgcct agttacctac 1740
 cgagaggtta tcctgataaa ttaaccttc acagtttagt atccctgtcct ttaacacct 1800
 tttttgtgg gttctctcg acctttcatc gtaaagtgtc ggggaccta agtgatttgc 1860
 ctgtaatttt ggatgattaa aaaatgtgtatataattttatg ctaattagaa atattctact 1920
 tctctgttgc caaactgaaa tttagagacaa gttcctgagt gctgttatc ggttcttagt 1980
 tctgggttgc tcactcaaga gttcagtgct catacgatc tgctcattt gacaaagtgc 2040
 ctcatgcac cggggccctct ctctgcgcgca gagtccttag tggaggggtt tacctggAAC 2100
 attagtagtt accacagaat acggaagagc aggtgactgt gctgtgcagc tctctaaatg 2160
 gaaattctca ggttaggaagc aacagctca gaaagagctc aaaataaatt gaaatgtga 2220
 atcgcagctg tgggtttac caccgtctgt ctcagatc caggacctt agtgtcattt 2280
 gttactttat tgaagggtttt agacccatag cagcttgc tctgtcacat cagcaattt 2340
 agaaccaaaaa gggaggctct ctgtaggcac agagctgcac tatcagcagc ctttgggg 2400
 ctcccacaaag tatctaacaa aaccatgtg cagactgatt ggcctgtca ttggctccg 2460
 agagaggagg tttgcctgtg atttcctaattatcgcttgc gccaagggtgg gatttggtaaa 2520
 gctttacaat aatcattctg gatagagtc tggaggtcc ttggcagaac tcagttaaat 2580
 ctgttgcacaaat tatttttagt tatcttagaa gatagcatgg gaggtgagga ttccaaaaac 2640
 attttatattt taaaatatcc tttgttgcac ttggcttgc gtacctgtgg gttagcatca 2700
 agttctcccc agggtagaaat tcaatcagag ctcagtttgc catttggatg tgtaaatttac 2760
 agtaatccca ttcccaaaac cttaaatctg ttttctcat cagactctga gtaactgggt 2820
 gctgtgtcat aacttcatag atgcaggagg ctcaggtgtat ctgttgcagg agagccccc 2880
 aggccgcctg cagggaaataa catactggcc gttctgcacct gttcccaqca gatacacacagg 2940
 acatggatga aattcccggtt tcctcttagt tcttcctgtt gtaactctct tttagatccct 3000
 aagtctctt caaaagctt gaataactgtg aaaatgtttt acattccatt tcatttgcgt 3060
 tttttttttt actgcattttt accagatgtt ttgtatgtt cgcattatgtt aatagtaattt 3120
 cccgtacgtt ttcatgtt tttcatgtt tttcagccat gtatcaatat tcacttgact 3180
 aaaatcactc aattaatcaa taaaaaaaaaaa aaaaaaa 3216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 747 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

ggatagatgc	aggaagcgat	ggttaagacc	cattttcacc	caacttctcg	ccgcagtcgt	300
gcttaccaca	cgctccccc	cattccca	gagccgcttt	ttgcagcacc	aggcgaacac	360
ttacaccagt	gttttgtaaa	ggaatcttat	tgtccacccc	gtgtttggc	aaaagaacag	420
tgtatcacaca	gatccctact	tgggtctttt	ccttttaatct	tcggaggctg	agtttgccca	480
actcgagttt	aaccaccaag	gactctgaga	gctggcaggt	ctgagtaacc	ctggtaacaa	540
ttctcttcac	cttatcaaaa	cctgagctaa	aaccatgca	tcaagctgatg	atgacagcag	600
agagtggcag	ggctgaggac	ccaaagtcat	ttcccaggt	ggccggagaat	aaactgccag	660
ggagaagaat	gagaagacag	gagacaaact	gtttggaaag	ctaaatttc	cctttaatgt	720
aataaaaggtt	tttgccttgt	cttaaaaaat	aacaggaaga	agcagggaaa	aataaaataac	780
ttatggtaat	cttggaaattgt	attttgcata	atta			814

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 3216 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

ttcggcaact	ggggggggga	gcctcggtg	gctgtgggag	cggggggggga	cagtgcggc	60
ggaaccgggt	gggtcacaca	cacgcactgc	gcctgtcagt	agtggacatt	gtaatccagt	120
cggcttggc	ttgcagcatt	cccgctccct	tccctccata	gccacgctcc	aaaccccaagg	180
gtagccatgg	ccgggttaaag	caaggccat	ttagatttag	aaggttttta	agatccgcaa	240
tgtggagcag	cagccactgc	acaggaggag	gtgacaaacc	atttccaaca	gcaacacagc	300
cactaaaaca	caaaaagggg	gattgggcgg	aaagtgagag	ccagcagcaa	aaactacatt	360
ttgcaacttg	ttgtgtgga	tctattggct	gatctatgcc	tttcaactag	aaaattctaa	420
tgattggcaa	gtcacgttgt	tttcaggctcc	agagtagtt	ctttctgtct	gtttaaatg	480
gaaacagact	cataccacac	ttacaattaa	ggtcaagccc	agaaagtgtat	aagtgcaggg	540
aggaaaagtg	caagtccatt	atgttaatagt	gacagcaaag	ggaccagggg	agagggcattg	600
ccttctctgc	ccacagtctt	tccgtgtgat	tgtctttgaa	tctgaatcag	ccagtctcag	660
atgccccaaa	gttccgggttcc	ctatgagccc	ggggcatgtat	ctgatcccc	agacatgtgg	720
aggggcagcc	tgtgcctgccc	tttgtgtcag	aaaaaggaaaa	ccacagtgtag	cctgagagag	780
acggcgattt	tccggctgag	aaggcagtag	ttttcaaaac	acatagttaa	aaaagaaaaca	840
aataaaaaaaa	attttagaaac	agtccagcaa	attgctagtc	agggtgaatt	gtgaaatttgg	900
gtgaagagct	taggattcta	atctcatgtt	ttttcccttt	cacattttta	aaagaacaat	960
gacaaaacacc	cacttatttt	tcaaggtttt	aaaacagttct	acattgagca	tttggaaaggt	1020
gtgctagaac	aaggctccct	gatccgtccg	aggctgttcc	ccagaggagc	agctctcccc	1080
aggcatttgc	caagggagggc	ggattccct	ggttagtgcgt	ctgtgtggct	ttcccttctg	1140
aagagtccgt	gggtgcctta	gaacctaaca	ccccctagca	aaactcacag	agctttccgt	1200

cgacctacca ggtgctggag tatggagagg ctgtggccca gtacaccttc aagggggacc 540
 tggaggtgga gctgtccttc cgcaaggagag acacatctg cctgatccgc aaggtgaacg 600
 agaactggta cgagggacgc atcacggca cggggcgcca aggcatattc cctgccagct 660
 acgtgcaggt gtctcgtgaa ccccggctcc ggctctgtga cgacggcccc cagctcccc 720
 cgtctcccg cctgaccgct gcccggctc cagcccgtga ccccagcgcc ccctcagccc 780
 tgcgcagccc agctgacccc accgacttgg gggacagac ctcccccgt cgacttggt 840
 ttccttccc caccaggag cctagacccc agacccagaa tcttggcacc cctgggtccag 900
 ctctgtccca ctctcgaggt cccagccatc ccctggaccc gggacctcc ttccttaaca 960
 cctctcagat acactggacc ccgtaccggg cgatgtacca gtacagggcc cagaacgaag 1020
 acgagctgga gctgcgcgag ggggacaggg tggatgtcat gcagcagtgt gacgatggct 1080
 ggtttgtggg tgtctcccg aggacccaga aattcggAAC gttccctgga aattacgttg 1140
 ccccggtgtg agtggctcc atggcaactt ggagccagcc agatgggt ggggagcggt 1200
 ggcactcggt ggagggagag gaccccccac cacatcctcc ttccccagga cctgagctcc 1260
 cagcatctgc agacgacccc cgacgattt ccctcgacc cccctcgaag cccctggac 1320
 tgattccac ccacgactca caggcatcc tcccacagcc ctttcatttc ctccccaccc 1380
 cactcccaa atacagaggt ctgcttgaa gggagacca tttccaggcc ttattgagac 1440
 cagacccaa gtccccacc cccatcctgc tccagcggtt cctctaaca ggaccagctc 1500
 tccgcttgc cccacgggg ttcccttaac cagaaccagc ttccctagct cgtagagacc 1560
 aaaggccgcc cccgcctgct ggggttcctc ccagcacccc agcttgcgtgg ctgcctctt 1620
 tgccctctgg cctccagctg ggtgtgggg ggcggacaag gccccggaca gacgcagcac 1680
 cttcttagcg atctaggct ggcaagaagct ctggcccaa ggcctcctct tcccaggggc 1740
 tgccaagtcc tggccctggc cctggcatat cacccgcac tgtggggcca ggcaccacta 1800
 gcctggctca aatattcccc agggagactg ctgtgtgctg cccgcctgccc tgctggctct 1860
 ccccccagccc cacatccct ctggaaagaga atgtaaaata aacctggaca caaggaaag 1920
 aaaaaaatag attggggggg aggaaaaaaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 814 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

cggggggcgag ccgggcctgc gcggtagtgg gacccgaccc tgtctccagt gggcgtcttg 60
 ggcccccggct ctattctggg ctgcggccct gggaaagggtt cgccgggtgc caaatgaact 120
 gtccctaactc tgcggggctg cagcttctg catgtatgtt gggagcttgg cgcctgaccc 180
 aggatctaga aggactctg ggcaggccgc gctccgccc cgaaggtacc caaccctctg 240

stcccccttc	tttttgcgt	caagattata	ttataataat	gttctctggg	taggtgttga	1740
aatgaggct	gtatccctca	gctgacacat	aatttgaatg	gtgcagaaaa	aaaaaaaagaa	1800
accgtattt	tattattaga	ttctccaaat	gattttcattc	aatttaaaat	cattcaatat	1860
ctgacagttt	ctttcagtt	ttaggcttac	cttggtcatt	cttcagttgt	acttccagtg	1920
cgtctcttt	gttctggct	ttgacatgaa	aagataagggt	tgagtcaaa	ttttgcattt	1980
tgtgagctt	tacagatttt	agacaaggac	cgttttact	aagtaaaagg	gtggagaggt	2040
tcctgggggt	gattcctaag	cagtgcctgt	aaaccatcg	gtgcaatgag	ccagatggag	2100
taccatgagg	gttgcatttt	gttgcatttta	acaactaattc	aagagtggat	gaacaactat	2160
ttataaacta	gatctcttat	ttttcagaat	gtcttctac	gtataaataat	gaaatgataa	2220
agatgtcaaa	tatctcagag	gtctatgcgt	ggaacccgac	tgtgaaagta	tgtgatatct	2280
gaacacatac	tagaaagctc	tgcattgtgt	ttgtccctca	gcataattcg	gaaggggaaaa	2340
cagtcgatca	aggatgtat	tggacatgt	cggagtagaa	attgtcctg	atgtgccaga	2400
acttcgaccc	tttctctgag	agagatgatc	gtgcctataa	atagtaggac	caatgttgc	2460
attaacatca	tcaggcttgg	aatgaattct	ctctaaaaat	aaaatgatgt	atgatttgc	2520
gttggcatcc	cctttattaa	ttcattaaat	ttctggattt	gggttgtgac	ccagggtgca	2580
ttaacttaaa	agattcacta	aagcagcaca	tagcaactgg	aactctggct	ccgaaaaact	2640
ttgttatata	tatcaaggat	gttctggctt	tacatttat	ttattagctg	taaatacatg	2700
tgtggatgtg	taaatggagc	ttgtacatat	tgaaaggc	attgtggcta	tctgcattta	2760
taaatgtgtg	gtgtaactg	tatgtgtt	tatcagtgtat	ggtctcacag	agccaaactca	2820
ctcttatgaa	atgggcttta	acaaaaacaag	aaagaaacgt	acttaactgt	gtgaagaaat	2880
ggaatcagct	tttaataaaaa	ttgacaacat	tttattacca	caaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	2939

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1950 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71

ggggtcgcgg	gccctgattt	cgccgtttcc	ccgcgcagag	ctcgccggcg	ccccgacggg	60
ccccggagca	gcggcccccg	gcggccccc	cctcagccctg	gagctccagc	tacccacatg	120
cacccatcac	gggttccggcc	cggtccctga	gtccccacaa	aatggctgtat	ggaggaagcc	180
ccttcctagg	tcggaggggac	tttgtctacc	cttcctcaac	ccgagaccc	agtgcctcta	240
acggaggggg	cagcccaagcc	aggagggaaag	agaagaagag	aaaggccg	aggctcaagt	300
ttgacttcca	ggcgcagttcc	cccaaggagc	tgactctgca	gaagggtgac	attgtctaca	360
tccacacaagga	ggtggacaag	aactggctgg	aggagagca	ccacggccgc	ctgggcattt	420
tccctgctaa	ttatgtggag	gtgtgtcccc	cagatgagat	ccctaagccc	atcaagcccc	480

aaatgttgc accaagttat ataaatccac atctctgtaa acaacctttt ttaagtaatt	1200
ttaaaaaaaaaaa taaacactct gcttactact tgaaaaaaaaaaa aaaaaaa	1246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2939 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

gtccatctct tgggatacag cttggagcc catgctgtgc gcattgcagg aagtctgacc	60
aataagaaag ttcaacagaa ttactggcct cgtccagct ggacctaact ttgagttatgc	120
agaagccccg agtcgtctt ctcctgtatga tgcatgtttt gtagacgtct tacacacatt	180
caccagaggg tcccctggc gaagcattgg aatccagaaaa ccagttggc atgttgacat	240
ttacccgaat ggaggtactt ttcagccagg atgtacattt ggagaagcta tccgcgtat	300
tgcagagaga ggacttggag atgtggacca gctagtgtaa tgctcccacg agcgctccat	360
tcatctcttc atcgactctc tttgtatga agaaaatcca agtaaggcct acaggtgcag	420
ttccaaaggaa gcctttgaga aagggctctg cttagttgt agaaagaacc gctgcaacaa	480
tctggctat gagatcaata aagtcaagac caaaagaagc agcaaaatgt acctgaagac	540
tcgttctcaag atgccttaca aagtcttcca ttaccaagta aagattcatt tttctggac	600
tgagagtgaa acccatacca atcaggcctt tgagatttct ctgtatggc ccgtggccga	660
gagtgagaac atccattca ctctgcctga agtttccaca aataagacct actccttcct	720
aatttacaca gaggttagata ttggagaact actcatgttg aagctcaat ggaagagtga	780
ttcataacttt agctggtag actggtagg cagtcccgcc ttgcattc agaagatca	840
agtaaaagca ggagagactc agaaaaaggt gatcttctgt tctaggaga aagtgtctca	900
tttgcagaaa gaaaaggcac ctgcggattt tgtaaatgc catgacaagt ctctgaataa	960
gaagtcaaggc taaaactggg cgaatctaca gaacaaagaa cggcatgtga attctgtgaa	1020
gaatgaagtg gaggaaatggaa cttttacaaa acataccggc tggttgggt gtttcaaaag	1080
tggatttcc tgaatattaa tcccagccct acccttggta gttatttttag gagacagtct	1140
caagcactaa aaagtggcta attcaattta tgggtatag tggccaaata gcacatccctc	1200
caacgttaaa agacagtggc tcatgaaaag tgcgttttgc tctttgaga aagaataat	1260
tgtttgagcg cagataaaaa taaggctct tcatgtggcg tattggcca tagcctataa	1320
ttgggttagaa cctcttattt taattggat tctggatctt tcggactgag gccttcctca	1380
actttactct aagtctccaa gaatacagaa aatgttttc cgcggcacga atcagactca	1440
tctacacagc agtatgaatg atgtttttaga atgatccct cttgcattt gaaatgtggc	1500
cagacgtcaa ccaggaacat gtaacttggaa gaggacgaa gaaagggtct gataaacaca	1560
gaggtttaa acagtcctaa ccattggcct gcatcatgac aaagttacaa attcaaggag	1620
atataaaaatc tagatcaatt aattcttaat aggcttttac gtttatttgc taatccctct	1680

cagactttat	aaatgagata	tctacaaggc	acttcaaagt	ttacagatgt	tttaccttaa	1920
gaattattta	agtgtgttg	ggtaagaca	gttttcagtg	taccgttaat	gttgtgttt	1980
cagaaaaaga	caaaacgatg	gtgctgactg	gttttctgt	tattgcacaa	cagtcctcaa	2040
atacactgat	gtatgaaact	attcatacat	caagcagcat	tttttcaact	ctccttagaa	2100
ttggaactat	gcagtttaagg	cagataaaat	gtacagatgt	ttcatatatt	acaggttaca	2160
tatataaaatc	aaaatttcct	atataaaact	gatttggat	ttgggggtgg	aatattttga	2220
atattaattt	atttttaaag	atgcaagata	ggactttgtg	caatgtattt	ttgtaaatgc	2280
ttttcaaaat	atctgtctt	ggttagtgc	ctgctgctgc	caccaaattt	ataagatgt	2340
attaagaggt	ttaaataaaag	agtttttaattt	tttaaaagg	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	2400
aaa						2403

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

actaagattt	tatgttggag	atacttcttt	aaataaaccta	cagcttgggt	ctatggcttg	60
tgaccccccag	attcätggag	gggcttttagc	aatcagcttt	gtacatcatc	atttttctga	120
atgaccaatc	ccactaaaca	tctttgaagt	cggcctagag	aggtccttca	gtatgattcag	180
aaatagctgg	cttgcgtctgag	tccagatttc	tcatcaactg	gcaataacaaa	ggaaaaatatg	240
gtacaggagt	tagttagaaa	ggtcttattt	attttacttc	tacttttac	tacagttaca	300
ggtagaaatac	tgttaggaagt	cagtgcagg	tgcattgttg	attgtatagat	attgattgtt	360
tttcagtctc	tggggtcagt	tttgcgtttt	ctgcatttctt	gcctaaatca	aagactatattt	420
caagtcaaca	acactgaaaaa	ctgcattttcg	cctccactct	tacagctgtg	cctaataata	480
attaattaat	aaacgcacag	ccstatgtga	acagacagga	atttcttgtg	caatgtggag	540
caaatggaat	ggtttccttc	cgcaagtctt	tttaatcttc	atatctggag	tacaagggtt	600
gacctctggc	ttaccacata	cactatgtca	aagtcatca	ccactgtcac	tacatcttgc	660
cagaagggtt	ccctcgccaa	caaacagtt	aaatttaagg	gaagaagcaa	aagctaaact	720
gtctttgacc	ctaagataga	tagaaagcta	tttattttgtc	ttcagtgttc	aaggcatgac	780
tagtattttct	aatttagcata	ataaaatccc	acactttctg	aagtgaacac	taatggattt	840
gtcctactaa	aactgtcatt	gtttcttttt	tttaactgg	tcagtcattc	acaataaagct	900
atgagggttaa	ataaaatatgt	gttataacaa	gtttaaccgt	gttcaagaa	tataccatga	960
agattaaagt	aggctgggtt	tcattttccat	cttcccacac	atctcattga	atttgatgt	1020
tgacttaatt	ggcaccataa	ctttgtatga	tattatacat	taacctttat	ttatgtaaag	1080
taaaatgcct	tatataattaa	agagtaatgt	caataatatgt	aaatagcctg	tacattttaa	1140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2403 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

tgaaaactcct	gttttccgaa	gatcagcaag	gcgggttctct	ggaacagctg	ctgcagaggt	60
tctcatcaca	gtttgtgagc	aaaggcgact	tgcaagacat	gctgcgagac	ctgcagctgc	120
agatcctgcg	gaacgtcacc	caccacgttt	ccgtgaccaa	gcagctccc	acctcagaag	180
ccgtgggtgc	tgctgtgagc	gaggcggggg	cgtctggaa	aacagaggcg	caagcacgtg	240
ccatcgtgaa	cagcgccttg	aagctgtatt	cccaagataa	gaccggatg	gtggactttg	300
ctctggaaat	tgggtgtggc	agcatcttga	gtactcgctg	ttctgaaaact	tacgaaacca	360
aaacggcgct	gatgagtctg	tttgggatcc	cgctgtggta	cttctcgca	tcccgcgccg	420
tggcatcca	gcctgacatt	taccccggt	actgctggc	attnaaaggc	tcccaggggt	480
acctgggtgt	gaggctctcc	atgtatgtcc	accagccgc	cttcaactctg	gagcacatcc	540
ctaagacgct	gtcggcaaca	ggcaacatca	gcagcgcccc	caaggacttc	gccgtctatg	600
gattagaaaa	tgagtatcag	gaagaagggc	agttctggg	acgttccacg	tatgtatcagg	660
atggggagtc	gctccagatg	ttccaggccc	tggaaagacc	cgacgacaca	gtttccaaa	720
tagtggaaact	tcggattttt	tctaaactggg	gccatcctga	gtataacctgt	ctgtatcggt	780
tcaagatcca	tggcgtacact	gtcaagtgaa	gacactactc	attattttg	tacatttttg	840
tatataactgg	gacagcgtga	aacactggaa	tccttcatgg	acgagggcat	atacaatgt	900
gggacagtgc	cacactcctt	caataaaacgt	ggctgtggc	cagaggacgt	gagcgtgtga	960
cgggcgcctt	ggcggccaccc	gttgggtgct	cactgcctct	gcaggtgcag	aggggtcagc	1020
agcaggagaa	gcgtgttcaa	cacgtggctc	tcagacactc	tttgcatttta	acgggaagct	1080
ctttgcattt	gcatttcctc	aacaaaggag	caaagcagag	gaagctgaga	gtctggcggt	1140
ttcttgacgc	tttggctttc	agccttgac	tggctcttct	aaaggacttt	tggagggcag	1200
ataatttcat	ctgttaaattc	caacacacat	ttcttcagg	aaaaaacaat	gtcaccaaaat	1260
tttcagagtt	ctaaactcct	ttccttcagg	ccgaaatttt	cttttttca	gcaccagtag	1320
gtactaagt	tccagatggg	gaaataacta	aaatgtgttt	ttctgccttg	ttcgctctta	1380
cttctgagga	aggttccag	tcaggactcg	ctgtaccaat	atccatggag	gaatatggga	1440
gcgtttcgt	ctccttgtag	gctgaagtc	gtctgacttg	aagggccctg	gtttggatct	1500
aagcaaacac	ccagatgggg	ttctctggc	tcagcaaggc	tttccctgtt	gggagtccaca	1560
gtaaacagaa	acccaaaaat	ctcatctgg	gtttttcag	ggcttgggtt	gaagtttgct	1620
gaatagggag	cgcaagacgc	cctgagctc	cctctcaactg	gtgggtataa	gaaggagccgt	1680
ctgggtgtgc	agggtcacga	accggtaaca	tttcaggacg	atccttttc	cttcagcagc	1740
atttcttact	ggctgtggct	ggaatctgc	tttatcaca	gtctgtacca	ttctcacgtg	1800
attcttgcga	gactttttt	ggttataatt	actatataat	tttagacta	ttttacttg	1860

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1823 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

agttggccaa ttctgttaact ccttgggata tcttgctgag cttaattgca gctgccactc	60
atgatctgga tcatccagggt gttaaatcaac ctttccttat taaaactaac cattacttgg	120
caactttata caagaataacc tcagtaactgg aaaatcacca ctggagatct gcagtgggct	180
tattgagaga atcaggctta ttctcacatc tgccattaga aagcaggcaa caaatggaga	240
cacagatagg tgctctgata ctagccacag acatcagtcg ccagaatgag tatctgtctt	300
tgttttaggtc ccattttggat agaggtgatt tatgcctaga agacaccaga cacagacatt	360
tggttttaca gatggctttg aaatgtgctg atatttgtaa cccatgtcgg acgtggaaat	420
taagcaagca gtggagtgaa aaagtaacgg aggaattctt ccatcaagga gatataaaaa	480
aaaaaatatca tttgggtgtg agtccacttt gcgatcgtca cactgaatct attgccaaca	540
tccagattgg ttttatgact tacctagtgag agcctttatt tacagaatgg gccaggttt	600
ccaataacaag gctatcccag acaatgctt gacacgtggg gctgaataaa gcagctgga	660
agggactgca gagagaacag tcgagcagtg aggacactga tgctgcattt gagttgaact	720
cacagttatt acctcagggaa aatcggttat cataaccccc agaaccagtg ggacaaactg	780
cctcctggag gtttttagaa atgtgaaatg gggctttag gtgagagaac ttaactctt	840
actgccaagg ttccaaatgt agtgatgcca gccagcatta tttatttcca agatttcctc	900
tgttggatca ttgttaaccctt cttgttaattt gcaagaccccg aacatacagc aatataatt	960
tggctttcat gtggaaacctt gaatatgcaaa agcccgacag gagagaatcc gaaaggagta	1020
acaaaggaag ttttgatatg tgccacgact tttcaaaatc atctaattttt caaaacgtga	1080
aacttgaatt ttccaaatgt aatctttttt aattttacca gtctgatgca acaatgtgtt	1140
tcttgcactt tccactaagt tctctctgag aaaatggaaa tgtgaagtgc ccagcctctg	1200
ctgcctctgg caagacaatg ttacaatc aactctgaaa atattggttc taaaattgcct	1260
tggagcatga ttgtgaaatg accactcaaa caaattttaa gatcaaactt tagactgcag	1320
ctctttcccc ctgggttgcctt tttttttttt ttggatgcca ccaaaggctc ccatttgctt	1380
tagttttttt tcatgcactg gaaactgagc atttatcgta gaggatcgcc aagtttcac	1440
tccagtgccg tttggcaatg caattttttt tagcaattttt tttttttttt ggggtggag	1500
gggaagaaca ccaatgtctt agctgttata tgattctgca gtgaagacat tgcattgtgt	1560
tttcaactact gtacacttgc cctgcacatg cgagaaaaag gtgaaatgtt taaaacacca	1620
taatcagctc aggttatttgc ccaatctgaa ataaaaatgg gatgggagag tttttttttt	1680
agatcaaggg tactaaatgtc ctttcgtctg cagtgagtga gaggtatgtt gtgtgtgaat	1740
gtacggatgt gtgtttgcgt gcatgtttgt gcatgtgtga ctgtgcattt tatgtttctt	1800
catgtggca aagatttggaa atgtaaatgtt ttattttttt tttagaaatgt tgacataatgt	1860
agcagccaca ctcggggag gggaaagggtt gtaggttaagc tgtaacagat tgctccagg	1920
gccttaaact atgcacatag ctaatgtgacc aaacttctt gttttttttt aaaaaatgtc	1980
attgtttttt tttttttttt ttgttgcctt ttgttgcattt tgacggccct tttttttttt	2040
acagatgttt tcttaggacaa actataagga ctaatttaa acttcaaaaca ttccactttt	2100
gtaattttttt ttaaattttttt ttatgtatag taagcacaac tgtaatcttag tttttttttt	2160
aaccgggtgtct ttctttttttt tttttttttt ttgttgcattt actgtaaaag actgtttttt	2220
aattttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt	2280
tttggtaaaatg gctttggccat actcatttttta atatgtgcct gttgtgtta actttttttt	2340
aataaaaaacc tatcttttca taaaaaaaaaaa aaaaa	2375

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1071 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

attccaaaca	tggcggtcc	actagggggt	atgttttctg	ggcagccacc	cggtccccc	60
caggccccgc	cgggccttcc	gggccaagct	tgcgttcttc	aggcagctcc	aggcgctcct	120
agaccttcca	gcagtacttt	ggtggacgag	ttggagtcat	ctttcgaggc	ttgcgttgca	180
tctctggtga	gtcaggacta	tgtcaatggc	accgatcagg	aagaattcg	aaccgggttt	240
gatcagtgtt	tccagaagtt	tctggatatt	gcaagacaga	cagaatgttt	tttcttacaa	300
aaaagattgc	agttatctgt	ccagaaacca	gagcaagttt	tcaaagagga	tgtgtcagaa	360
ctaaggaaatg	aattacagcg	gaaagatgca	ctagtcaga	agcacttgac	aaagctgagg	420
cattggcagc	aggtgcttga	ggacatcaac	gtgcagcaca	aaaagcccgc	cgacatccct	480
cagggtccct	tggcttacct	ggagcaggca	tctgccaaca	tccctgcacc	tctgaaggcca	540
acgtgagcaa	agggcagagg	cagttggctt	atgagtgggc	tgatgcgtga	ggttggccac	600
acattccctc	ctgtggactt	gacattttgg	aaaactctt	tgccagataa	ttagtttatt	660
ttagttttat	gtccccattt	aaaaattttt	cactatttt	ataagctgtt	attttcttga	720
gtactttata	acatgtctgt	agcttggata	aaccaagtaa	gtattttttt	tttgccttta	780
gcgaagttt	gactgtgaat	atgatgacac	agattttttt	ttatgtggc	tttgcttgtt	840
ttaaattttt	gcatgacttt	tcatctttt	atgtgtgtt	cctgtagttt	gatccgaagg	900
aaaagaggtat	agtagctga	gaatcaaggag	atgggagttt	tagtcgtagg	ccttatgata	960
attaccccgc	ggtgggtgtgt	agaaaagttat	gtaaatttgc	tctgtttaa	gactttgaac	1020
tacctaaga	agaggaatct	aatacaatat	ttgtaatgtt	tccagaaaaa	a	1071

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2375 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

cgccccgcgc	cggccccg	ctgtca	gctc	cg	gtatgc	ggc	ggaggc	gcgg	gtat	60
ctgagccgct	gccc	ca	gccc	gt	gtcc	ccac	gt	ctgg	cc	120
cgccggccga	tt	tc	tc	ct	cc	acgt	ct	catg	aa	180
ggcggccccg	gc	cc	cc	gg	cc	cc	tc	gt	gg	240
acacac	tt	ct	cg	gg	g	ct	tc	gt	aa	300
ggtgaactta	tt	gaaa	aa	gt	tt	aa	gg	aa	at	360
agtttattaa	aa	gg	gg	gg	gg	gg	gg	gg	aa	420
ttgattgatg	gg	ttt	cc	aa	aa	at	tc	ca	aa	480
gggaaggcag	at	gt	at	ttt	cg	tt	tc	tt	at	540
cgatgtctt	ag	gg	gg	gg	gg	gg	gg	gg	gg	600
aagagaattc	ag	ac	ct	ac	tc	ag	tc	aa	tt	660
gggaaagtca	ag	aa	aa	at	tt	ct	ta	aa	tt	720
cagattttt	ca	aa	gg	aa	tt	tt	ct	aa	tt	780
atattgctt	ga	ta	gt	ct	at	ca	gt	cc	tt	840
tacatctcaa	tt	ag	tg	gt	tt	aa	gt	tt	tt	900
tttttttgg	ca	cac	agg	gat	gg	tt	tt	tt	tt	960
tcaccaa	aa	cc	aa	cc	cc	tt	cc	cc	tt	1020
gtttgtgc	t	ct	gt	tg	tt	tt	tt	tt	tt	1080
acattttttag	at	tt	tt	gg	tt	tt	tt	tt	tt	1140
cttaagtgaa	tt	tt	tt	gg	tt	tt	tt	tt	tt	1200
atgtgtttgg	ta	aa	ca	aa	tt	tt	tt	tt	tt	1260
actgaccatt	tg	ct	gt	tg	tt	tt	tt	tt	tt	1320
aaagttgtat	ga	cac	gg	cc	tt	tt	tt	tt	tt	1380
tcagagcctg	gc	ca	aa	tt	tt	tt	tt	tt	tt	1440
tcacatctaa	tg	tt	gt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	1500
atcttaacaa	aa	t	tc	tg	tt	tt	tt	tt	tt	1560
atgattctca	gt	ta	tc	tt	tt	tt	tt	tt	tt	1620
cttaataaaa	gt	tt	tt	gg	tt	tt	tt	tt	tt	1680
ttat	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	1740
ctttgtc	aa	aa	aa	aa	aa	aa	aa	aa	aa	1800
ttattcagta	gt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	1860
aaggctatag	ag	t	cc	aa	gg	tt	tt	tt	tt	1920
ggaatttg	tt	tc	gc	cc	tt	tt	tt	tt	tt	1980
tcttaatatg	ag	at	tt	aa	tt	tt	tt	tt	tt	2040
tacacaggg	ca	aa	at	aa	tt	tt	tt	tt	tt	2100
tcactggaaa	ta	gg	ca	at	gt	tt	tt	tt	tt	2160
atgtgttatg	aa	at	tc	at	gt	tt	tt	tt	tt	2220
gtattgctaa	gt	ac	tat	aa	tt	tt	tt	tt	tt	2280
cttggaaagag	at	gg	aa	tt	tt	tt	tt	tt	tt	2340
ttaatcaaa	ca	gt	ct	ta	gt	tt	tt	tt	tt	2400
actcacataa	gt	aa	aa	aa	tt	tt	tt	tt	tt	2460
aagcaac	aa	at	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	2520
ggtatcttc	t	gt	gg	catt	tt	tt	tt	tt	tt	2580
aggcttgc	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	2640
gttgattgag	at	aa	at	tg	tt	tt	tt	tt	tt	2700
ccaagaatgt	tt	tg	at	tt	tt	tt	tt	tt	tt	2760
tttccattca	gt	gt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	tt	2820
tgctgtggc	tt	tg	ct	aa	aa	aa	aa	aa	aa	2851

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

ccgcggggct gggggagctc ggggagcctg cgggaccggg ggagccccaa ggccaggggg
atccccgcgc ggcgccaggg aggccggagga gcagggcggtg gagggcgaggg aggaagagga
gcaggacttgc gatggtgaga agggggccatc atcggaaggg cctgaggagg ggggacggag
aaggcttctc cttcaaaatac agccccggga agctgagggg aaaccagtac aagaagatga
tgaccaaaaga ggagctggag gaggagcaga gaactgaaga ataacgaagt tatttccttagc
gtcctcttaa aggttttcc ttttggcatc taaaagctt gagagataaa acggaaaccc
cagagaggag tctgggcagg ctcccagggt gcatgctgcc tccataaaatc tgctgagctc
tagacctca atcaggactt gtcccttggc tagcaggatc ctggaaacac ctttggccct
gccctgtgtc gagatgttca tgtctgttcc tgtgggtcac tttttaagc tgaagagttt
taagaggtag agctcagacc ctggactggg atttttctta ccactcaaacc ttgctatcca
cacaccctgc acacccataga taaaaagaac attttaaaag cagagttcac tttcactcca
gtctcccttc ttttgccttc actgaagcca aaccacagaa gactttgagg aatgagagac
aaatgaggtt gagctcaccc gtgctcacca gctccgtcaq ggtggtcagc cgacccttt
ccctggaaac cccacttctc tctgtggctg gcttgggtgt cgggggtgag atgccatatt
gattacaggg cagcaaagaa ccagtaccag gaatttactt gaccattccc cttattttc
atctagagga atctcggtt cagcccttcc attgctaaga caccctttca ctgaggttct
taccagctca gccaatctc cactctgcta tagcagaagc aataatgttt gctttaaaaa
gatttcttga cctatgcctt ttcttagaaa gttttagata gtagtttagaa cttcagatca
tcagatcagt ctccaaatggg ttcttgaa ttatattt gacaatattt atactataacc
aaactcattt gcaagttctt ggtttgttgg taaaacatt ttttaaagc agtaagttt
tagaaaatgt ttcttattaa tggaaggctg gggaatgtcc agcatcaacc cctatggcat
gcattcccaag tggccttctc atctgggcct ggaaccttgc gttcagggt taggggagaa
caggccacat ggcacacagcc acacagtcat tgccttcaac acagagccac gtgtcccaa
acagcaatag tcatgcctt gtccaggctg ggtatctaatt gatacaatag gtctgttact
ccctccttagt agagctatct aggtttgtct gggaaagtttgc cgaccctggc ttataggcac
cacacccat gtactcctca tggctggat ctctgttattt agcctttgtt cagtcataa
aactttgagt agatgatctc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaaag gggagaaggg aagaaggaga
gggcacaaaag gccggatggg ggtgagctt

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2851 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STrang: einzel

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

6.2.4. **MEMBERS**

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

cataatagtt aactctactt	actgttttaa	catacatttg	attnaaca	ttgttcagca	60
taacacttct	aattaagt	tttcaagtgt	actgtttag	ataatcagca	120
agtatgttta	aagagaacag	ttcgcaatac	aaaaagttac	atggagctt	180
tttcttg	aatttaatg	caatgtataa	aaagtttatt	ttgctattgt	240
atgtaaagga	aatcacctac	tttcatgcag	gtgtataatc	ttgaaaagga	300
catgttgaag	ccagattt	tgttagtaaa	cttttaata	ttatttaaa	360
atataaata	at	ctctatattc	tttggaaatga	tactaaagtc	420
tatataaagg	tataaagagac	catgacaatg	tctgaaaatg	gaatagataa	480
tattnaaagt	ggcccacata	atatacattt	agtaactccat	ctctccaaat	540
aatgtgttga	aaacatgcta	acatttgtat	gat	tttata	600
aatcagatga	attgtctgt	tgtcttgca	aaagatggg	gacaacttgg	660
gaagtgcata	gggagtgtat	gtcttctgaa	ttgtttatt	gttcttgtaa	720
agaaaatgtt	actgggaggg	tgctgaggcc	actcactgca	ttaattttgt	780
ttctgttgc	aaaagaaaac	taatgaataa	attagttgt	cattctagaa	840
taagattagt	ataaaagagta	tatagattgt	taatccccac	cagctagact	900
gtcagactt	aagatttgag	aaattattt	tgtcattac	tagacgtgat	960
gtttgattat	atttcctaca	caaactctt	attnaacagg	atagctact	1020
tttcttattt	cacttaactc	atttgattaa	actgttattct	aaaacattt	1080
ccctattcag	ttttaatctt	ggaatatgca	tttggaaatt	gtgatgtcat	1140
tttatattt	acttggcaac	attaacatgt	cctaagactt	agtgcagaga	1200
tacgttctt	gacttaagga	ttggcataaaa	taatcattt	tgaacctgt	1260
tgaaagcagg	gaaaagaatt	tcctttccc	cctttttgt	gttgcata	1320
tgggattgtt	ttgtgggtt	ttgtttgtt	taatgtaaa	ttgagaatct	1380
ataaaagcat	tattgggtgc	cttgggtgt	aaacccaaaa	gtaataa	1440
tttccattat	agtatttt	gtat	tttattt	gttctgaaa	1500
ttaggattac	aggaagcagt	ccttacttac	acttctgtc	tgttttaggt	1560
attcttatgt	cctaatttta	tttaattctg	agttcccttac	acagcattt	1620
tacaggcagg	atgacactt	gtgtttaa	gttattttt	tgtattac	1680
aggttttt	ctgtttcta	aaaagagtaa	ccaagatacc	tccagggtgt	1740
cagctgctt	cctccacatt	gaatgat	ttgttaattt	cattgggtc	1800
ttatatgtct	atagagtaag	tataagagat	aattcattag	ataggcacat	1860
cttttggat	ggggagagca	tcaggctgg	gtcaggtaa	ttgtggtaat	1920
tgctcttcta	ggctgactcc	cagccctgac	ttgaaaccat	tgcgtaac	1980
ttgagaaaaa	cttccaaac	tttgcatt	gaaactagaa	ttgtgtt	2040
actggattac	agaaatgt	taattgtctc	ttgtataaaa	aaaggaaatgt	2100
ttattgaat	aatattttt	tcttgaagca	tttcttagt	atagaatgt	2160
ttcctgg	tacccttta	gcatatatct	ttgttatcct	taagatccta	2220
ctttgtca	taagtatagt	tgcgcaaaaa	ttgttaatc	ttttgtctt	2280
aatttgagta	acaaaaaaaaa	aaaaaaa	aaa		2313

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1650 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

ggagaatgaa	gatgaacttt	ccttcaaggc	ggagatata	ataacagagc	tggaatctgt	1020
agatgatgac	tggatgagtg	gagaacttat	ggaaaatct	ggaatatttc	ccaaaaacta	1080
catacagttt	ctacagatca	gctagaggag	aagcttgc	gtgttccctt	gcacaagaac	1140
tcacttgaac	tatcacctt	actatcagat	atgttttgc	actatttttt	ttaactgaaa	1200
aagaaaatatc	taaqtgtac	atggtacact	agaattttt	gaaagecagaa	aacgttcaga	1260
ttttgttagtt	aattttcatt	acaatagaaa	catgcacatg	gaaaccatg	agctaggatt	1320
ctaccgagga	aaacatctag	tgggattagc	aaggtaagg	gaaagcatct	gttggcatgg	1380
cagcatgggg	aggctcacac	acagaagttt	cacgtggaca	tctgtttaa	ttagcacaag	1440
tgaattaacc	atgtttttc	atttttttac	tttagttaaa	aaaggaggaca	tttaatattc	1500
tacatgtgt	aactatcagg	acatggtag	caatctcaat	ttcatttttt	atattcaaat	1560
taattttttac	agcttgagca	tatcagcctt	attaccagag	caaatttttc	tttcagatgg	1620
gatagtttac	tgacttagtt	gagcattttt	aagcacatgg	tgaaatcagc	ccctgcccac	1680
caaataatac	tttatgttac	caagtgatc	caatttgtt	aaggatttga	aggggggtcta	1740
aattggatgt	atcttagtct	aaagaaccaa	aaccatccct	gaaatgcctt	gctaatacaa	1800
ctaatttttc	catatatgtg	ccataacttat	tttttttttt	agtgtatact	ttatgttaac	1860
agggttattta	caaagcacat	tttctgaatc	tgcaatcatt	cctttgacaa	ttactggacc	1920
caaaggaaaa	ttcatttttct	ttgcattatt	ccagtaataat	ataaaaactg	tgtttttgtt	1980
tagtagtaca	ttatgaatca	catataaaat	cttacaatac	agaacaactg	ttaagatgga	2040
aaacagtgc	aaacctccac	agctcattt	tttgcattat	aatcagaatg	aaaaataatt	2100
taagaggaca	gaagacttgt	acttttttgc	tttatttttt	ctctagctt	tccctgcaca	2160
attatttagag	tgaatgaaaa	accacttcc	tgttttccat	tgttataaat	ttaagctta	2220
agataaaaagt	ggttctttac	atgactgaat	caattacaat	ttatggcata	gagccaaata	2280
ggttgaagac	aatcatccaa	acagataat	ggaatagaat	ttcattggaa	atgtaaaaca	2340
ctttcccaac	aatggcattt	acttttttgc	gtttttgaga	agagttcat	atgctggacc	2400
acatttttgc	ttttttttcc	cattgtccaa	aaagtttaagc	aacaagtgc	2460	
cacacttta	cgtgactaca	acctggagtt	ctgcaaaagaa	ggtaatattt	acttggctt	2520
tgactaaagt	tatctcccca	ttctatgtt	acattttattt	ttggactatg	gggactttcta	2580
atacgttttgc	gtaaagaaga	gagtataaag	aaaattcttg	tcaaatttca	ctcaaaaagta	2640
atttcatgag	aaatcaatga	tttaaagcat	tatccaaattt	aaatttatcat	ttgcagcaa	2700
ctgtacaaca	gcaggaagg	tatggatgg	aacatgaggt	atatatctt	gcctttataa	2760
ttttaacatc	ttatattgaa	gattctgaaa	acctatctt	attagaggaa	aatctcaatc	2820
ttcagtttttgc	gccttctgtc	accagaatga	taagtgcatt	agttgtaaat	ctacttgaca	2880
ctgtataaaaa	ctgaactgaa	ctttcaaat	cccttttctca	tactagactg	agttttttga	2940
					gaatggaggt	2952

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2313 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

tcacaggcca	cgccaacaac	aacgacaaca	acaaacat	ggaatattat	tctcaactca	1380
cgtttaata	atacatctt	ttat	ttct	agttagagaaa	ctacaaatca	1440
cattatata	cagtttaata	agcctcttgc	aagtactt	ttctctcacc	tgaggtattt	1500
tttcctccc	cacccgtccc	ctgttctcc	ttccctcttc	cccc	tttgca	1560
tttaacat	ttgggtccaa	cttcaataat	gtaataattt	atacattaa	agcatttaac	1620
ttcccttctt	gaaaaatgca	caggctaagg	catagacaaa	acaagagaa	atgctgagaa	1680
atttgccact	ggagacaagg	aatctgaata	aatatttgcc	aaaagttctt	tttatgtcat	1740
atagtgtcag	gatttgaagg	agctat	ttttatgtt	gcaactagca	actcatctc	1800
ggaagacaca	gccaggagaa	tgaagtagaa	gtgaaagg	tataatcca	tttgtaagca	1860
tttatccat	atattttaaa	ttcaagaaaa	attgttta	tctttagaa	tttgattca	1920
atactttatg	tactatgtga	ctcatgctc	tggataaata	aagcacaaa	tatgtatctg	1980
taaccacaat	cacacatatt	atattaaata	tatatctata	taacagccaa	aaaaaaaaaa	2040
agaagagaag	aaaaaagaaag	gagaggggg	gggagagaag	gggggggagg	t	2091

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2952 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

ctcgccccaa	accaggacac	cctcttaca	gtaaatacat	gcgtggggat	gtacttgtga	60
tgctgaagca	gacggaaaat	aattacttgg	agtgcacaaa	gggagaagac	actggcagag	120
ttcacctgtc	tcaatgaag	attatcactc	cacttgcata	acatcttgc	agcagaccaa	180
acgatccaag	ccacgctcag	aagcctgtt	acagtggat	tcctctatgt	gtcggttttc	240
atgatttccc	agcagagcaa	gttgcata	tgcacccat	ttctggagaa	attggtttat	300
cttctggaga	agatagatac	agattggat	agaggaaact	gtagaaaacca	gattggcata	360
tttcctggca	actatgtcaa	agtgcattt	gatatcccag	aaggaggaaa	tggaaaaga	420
gaatgtgtt	catctcattt	tgtttaaggc	tcaagatgt	ttgctcggtt	tgaatataatt	480
ggagagcaga	aggatgatgtt	gatgttctca	gaggagaaa	ttattattct	taaagagat	540
gtaatgtagg	aatggggccag	aggagaagtt	cgaggcagaa	ctggat	ccccctgaac	600
tttgcggagc	ctgttgcagg	ttatcccacc	tctggat	atgtttttaag	cacaaaggta	660
ccactgaaaa	ccaaaaaaga	agattctggc	tcaaaactctc	aggttaacag	tcttccggca	720
gaatgggttg	aagcttctca	cagtttaca	gcagagacca	gtgatgactt	atcattcaag	780
aggggagacc	ggatccagat	tctggaaacgt	ctggattctg	actgtgcag	gggcagactg	840
caggacaggg	aggggatctt	cccagcgt	tttgcggaggc	cctgcccagc	tgaggcaaaa	900
agtatgtgg	ccatagttacc	gaagggcag	gaaggccaaa	gccttatatg	atttccgagg	960

gttgggtca	tgttgagaaa	aaggtagaat	aaaccttact	acacattaaa	agttaaaagt	480
tcttactaat	agtagtgaag	ttagatggc	caaaccatca	aacttatttt	tatagaagtt	540
attgagaata	atctttctta	aaaaatataat	gcactttaga	tattgatata	gtttgagaaa	600
ttttattaaa	gttagtcaag	tgcctaagtt	ttaatattt	gacttgagta	tttatataatt	660
gtgcatcaac	tctgttggat	acgagaacac	tgtagaagtg	gacgatttgt	tctagcacct	720
ttgagaattt	actttatgga	gcgtatgtaa	gttatttata	tacaaggaaa	tctattttat	780
gtcggtgtt	aagagaattt	tgtgaaatca	tgttagttgca	aataaaaaat	agtttgaggc	840
					atgaaaaaaaaa	850

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2091 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

aagagacaga	ctattaactc	cacagttaat	taaggacgta	tgttccatgt	ttattttgtta	60
aagcagtgt	aatagccttc	aagcatgtga	ataatcttcc	atcttccccc	ccgctttttg	120
tttctttca	gtagacaccc	tttaaaatgc	agaactaact	gaggcatttc	agtaactttt	180
ctttcaaaatc	aataaaagtca	aatgtatgga	aacatttgt	gccctactct	ccataccccc	240
tgtactcaaa	ttctctactg	tatgaatttat	gcttaagta	gaattcagtg	ccaaggagaa	300
cttggtaaaa	taaattatttt	taattttttt	tttacccctt	acaaagccat	ggattttatt	360
tggttgatgt	gtgctctgta	cacaagccat	ttcaatagga	tggagctgtt	aattattttc	420
caaagagtaa	tagacatgca	aaagtttcaa	taaaaactgg	gccattaaca	aataaattaa	480
taaactaata	agcattccct	tctaggttt	tgccaaactg	cctatccaat	aacaaatttg	540
agaatcg	aaaaagctag	ttatatttca	gagaatgat	tttcatttatt	gaaactgttc	600
tccctagcag	gccattttcc	ctttttctg	ggagtttagc	aagtttagga	gagaatagtc	660
atgaaaagaa	aggaaagaaa	ggggagaagg	gaagaggtt	aaaagtaagt	gctcagacct	720
atgaacgtaa	tccctttgt	agaaatattt	aagagcagct	cagcttggtt	gaaactgagt	780
tttgcatct	tccatattt	caggaaggta	ttttctgact	tgcaatgcag	ctagatgtaa	840
aattttattt	tatcatccta	gaaagcctt	actagaaaaaa	tgaataaata	ttgagggttt	900
cctgtccata	tctggcttgc	atgtgccaga	aagcagagaa	tagaaaatgt	aatctccaac	960
atccaagcat	cgaaacccaa	gggtaggca	attctatgt	ggtttggac	atgaagttt	1020
gtgcacatct	gtttatgct	gctcaactgc	tattaaaccc	ctctggctt	tagtctttc	1080
attcttattag	acaagcacgt	atcgaacact	tgcttcgcac	aaggctttt	agttacaat	1140
ttagcagcta	ctgtttgtt	taaacacact	tttccacaaa	tagttctga	ggcaaacgag	1200
agcaatgact	atttaaagaa	aggcttccc	agcatcaactt	acacatccca	aaactaaaaaa	1260
gatcaactct	tccaaactgag	aaaagactcc	tggctttgaa	tggaaactta	cagcagagag	1320

agacttattt	gcagttactgt	gttcttcagc	tagaggcagc	tttttaaata	atgcaagtgt	840
atttatttgc	attaaaaattt	acatctcagt	aatcagcatt	agcatttctg	aggaccat	900
ttaattctga	gaacagaaaat	ttgtgcctt	caaggaagtt	tactagctt	atcaacaac	960
attcaagggtt	acatctgcta	gcagagtagt	gttaggaacc	tggccttact	ctcctctgac	1020
aatcgcaatt	tttttttattt	ttttataaaat	tcaagaagat	acacttggca	tcgtgtatcg	1080
aggctaagg	tttcatgcat	ttcccagact	acttatggag	aattgcagtt	taagttgcgt	1140
aaaagtatta	acatggattt	aagcttaaaat	aatacgtat	gggactagat	ggcccactaa	1200
gccactgtt	ttttccttcc	tctctggcag	ggcacttgat	ccattccaaa	gtcaaaaaact	1260
ggactgaagc	taaatttgt	cttttcataa	tatacattct	gcttctggct	tatcttctt	1320
gtacatcaat	atattaattt	taaagtttat	tgtatagtt	ttaaccgctg	aagttccat	1380
tttatgttgt	gcttatgt	acccttgg	gaaggtccct	tttccttgg	tgtgttagtt	1440
tatgatctt	ttaaatgtac	agatatttt	ctataaaatc	ggtcagttt	tttatggtt	1500
ttacacttct	ctttaattcc	cacctaagcc	tctggtaat	attgtaaata	ttgttttaaa	1560
atgcatcagc	ctatgcata	caatctgaat	gttattttaa	cttatagttt	tttttaat	1620
atataatttaa	ctataaggac	agtttagg	acaagttacc	taccacattt	cactttagtg	1680
tacctattta	cagaaagattt	aaactgcccac	ctgcgggcac	attccat	atgtgtactt	1740
tactttaaaa	agAACatgCC	acgattttgt	cttctgtgg	actcaacatt	cacttcgatt	1800
aaaaatagca	atttgacca	gttggacttc	cactacaaag	cagctgtttt	ccaaagttca	1860
atgctgacat	atatgtat	taaaataatt	gcctatttt	taatctacaa	atagacaacg	1920
ttggcatgtt	ctttctgtt	tgtctattaa	tggcctgct	tcttagcaat	attagaatgt	1980
tttataaaaag	caattcatgt	tactttctg	gtctttcat	ggcatatgag	caaataataa	2040
actatttaca	ctactagaaa	gaaaagagaa	gaa			2073

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 850 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

ctattacaca	tgaggttttt	aatgtattt	gacctgacaa	taggggtgtc	acttagatgt	60
gatctcagtg	ttgtggtaa	ctttgtgtt	ctttaattcg	aatctggaa	catagatgtat	120
gattttttcc	tttgaattaa	cttaatgtgt	tctttccct	acagatttca	gaacttataat	180
ttccacctt	tccaatgtgg	cacccttgc	ccagaaaaaa	gccaggaatg	tatcgaggga	240
atggccatca	gaatcactat	cctccttctg	ttccatttgg	ttatccaaat	cagggaagaa	300
aaaataaaacc	atatcgccca	attccagtga	catggtacc	tcctcctgga	atgcattgt	360
accggaatca	ctggatttaat	cctcacatgt	tagcacctca	ctaacttcgt	ttttgattgt	420

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

attgcgagtt	tttttgttg	ttgtttcaat	gtgacttgtc	gtttatttca	atgaaaattt	60
aatgattct	tacaaatct	ctgaaaagta	aaactgatac	ttttataaaac	agaagtataat	120
gcaaacagtc	acaatatgca	tttaggacgac	tgacgatatt	tcttacatgc	cagggagttc	180
ttccatccca	gcaaacacct	cttacatgaa	agtgtttttt	ctcctataaa	ttggcatctca	240
agggattttt	aaaaagtcaa	aaacagtggc	aggg			274

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2073 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

taaatttcca	aatgttcaact	cgaggatctt	agaaaaccaac	catacagacg	agccgatgcg	60
gtgaggagaa	gcgtcaggcg	gcgtttgat	gatcagaact	tgcgttctgt	taatggtgcc	120
gaaataacaa	tgtgaacctg	agactgcct	gcatgaatac	agggtgtgcg	tgaatgaaac	180
tgcccacatg	aactttatgt	gctacgattt	aactgcagcc	ttgaacacac	acaaaaaatat	240
tcttaaggc	tcagatttag	caaacacaga	agaattttaa	aatgagctct	ctttcaacc	300
cttgttaaca	agtgcctaaa	aatggaagta	cctgttcaga	ttaatcaaag	caataggatt	360
tgatttgatt	aggtatctt	ttacaccagt	atgttatttt	taacaaaaat	gtaaagttct	420
tattaaactc	attacctgcc	attgtgattt	tcccatcatg	gcccacctgg	tttcctgtat	480
ttgtaaataa	catcaatgca	tctgctgtgg	gtcctttgct	gagatgtctt	cgaaggaatt	540
ttgttttagc	cataccatc	aactttgtat	tttacttgca	atttgaaga	aggaaagtca	600
catgatgaaa	ctccctttgt	ctataaccag	gccttggcaa	agtcaaaca	gatgcaact	660
gcagtggcac	aaaggtcaact	caatcccttg	tttcagttt	cacattctac	tacttctgtg	720
ctagagaacg	atgtctgtg	agaggcattt	actagtatga	atgtgggat	atagtgtata	780

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

ccacgttagcc	tcgtgccgct	gcgtgcagct	tctgtctccc	tgttttctta	atcaagggggt	60
taggactttg	ctatctctga	gatgtctgct	acttgctgca	aattctgcag	ctgtctgctg	120
ctctaaagag	tacagtgcac	tagagggaaag	tgttcccttt	aaaaataaga	acaactgtcc	180
tggctggaga	atctcacaag	cggaccagag	atctttttaa	atccctgcta	ctgtcccttc	240
tcacaggcat	tcacagaacc	cttctgattc	gtaagggtta	cgaaactcat	gttcttctcc	300
agtcccctgt	ggtttctgtt	ggagcataag	gtttccagta	agcgggaggg	cagatccaaac	360
tcagaaccat	gcagataagg	agcctctggc	aaatgggtgc	tcatcagaac	gcgtggattc	420
tctttcatgg	cagaatgctc	ttggactcgg	ttctccaggc	ctgattcccc	gactccatcc	480
tttttcaggg	gttatttaaa	aatctgcctt	agattctata	gtgaagacaa	gcatttcaag	540
aaagagttac	ctgatcagc	catgctcagc	tgtgacgcct	gaataactgt	ctactttatc	600
ttcactgaac	cactcactct	gtgtaaaggc	caacagattt	ttaatgtgg	tttcatatca	660
aaagatcatg	ttgggattaa	cttgccttt	tccccaaaaaa	ataaactctc	aggcaagcat	720
ttctttaaag	ctattaaggg	agtatatact	ttagtactta	ttgaaatgga	cagtaataag	780
caaatgttct	tataatgcta	cctgatttct	atgaaatgtt	tttgacaagc	caaaattcta	840
ggatgtagaa	atctggaaag	ttcatttcct	gggattcact	tctccaggga	ttttttaaag	900
ttaatttggg	aaattaacag	cagttcaatt	tattgtgagt	ctttgccaca	tttgactgaa	960
ttgagctgtc	atttgtacat	ttaaagcagc	tgttttgggg	tctgtgagag	tacatgtatt	1020
atataacaagc	acaacaggqc	ttgcactaaa	gaattgtcat	tgtaataaca	ctacttgta	1080
gcctaacttc	atatatgtat	tcttaattgc	acaaaaagtc	aataatttgt	caccttgggg	1140
ttttgaatgt	ttgcttaag	tgttggctat	ttctatgttt	tataaaccaa	aacaaaattt	1200
ccaaaaacaa	tgaaggaaac	caaaataaat	atttctgcat	ttcaaataatgaa	aaaaaaaaaaa	1260
aaaaaa						1265

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 274 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

cggctcagtg	gccctgagac	catagcttg	ctctcggtcc	gctcgctgtc	cgctagcccg	60
ctgcgtatgtt	gcgcgctgcc	gcccgcgtcg	ggcccccgcct	ggccgcgcgc	ctcttgtca	120
ccggccgcccc	ccaggccgtg	cctgccccca	accagcagcc	cgaggttcc	tgcaaccaga	180
ttttcataaa	caatgaatgg	cacgatggcc	tcagcaggaa	aacattcccc	accgtcaatc	240
cgtccactgg	agaggtcata	tgtcagtag	ctgaagggga	caaggaagat	gtggacaagg	300
cagtgaaggc	cgcccgggcc	gccttcagc	tggctcacc	ttggccgcgc	atggacgcac	360
cacacagggg	ccggctgtcg	aaccgcctgg	ccgatctgtat	cgagcgggac	cggacactacc	420
tggccgcctt	ggagaccctg	gacaatggca	agccctatgt	catctcttac	ctgggtggatt	480
tggacatgg	cctcaaatgt	ctccggattt	atgcggctg	ggctgataag	taccacggga	540
aaaccatccc	cattgacgga	gacttctca	gctacacacg	ccatgaacct	gtgggggtgt	600
gcggggcagat	cattccgtgg	aatttcccgc	tcctgatgca	agcatggaag	ctggggccca	660
ccttggcaac	tggaaaacgtg	gttgtatgca	aggtatgtca	gcagacaccc	ctcaccgc	720
tctatgtggc	caacctgtac	aaggaggtg	gtttcccccc	tgggtggtc	aacattgtgc	780
ctggattttg	ccccacggct	ggggcccca	ttgcctccca	tgaggatgt	gacaaagtgg	840
cattcacagg	ctccactgag	attggcccg	taatccagg	tgctgctgg	agcagcaacc	900
tcaagagagt	gacccctggag	ctggggggga	agagcccaa	catcatcatg	ttagatgc	960
atatggatg	ggccgtggaa	caggccact	tcgcctgtt	cttcaaccag	ggccagtgt	1020
gtctgtcccg	ctcccgacc	ttcgtgcagg	aggacatcta	tgatgagttt	gtggagcgg	1080
gggttgcccg	ggccaagtct	cgggtgtcg	gaaaccctt	tgatagcaag	accgagcagg	1140
ggccgcgaat	ggatgaaact	cagtttaaga	agatcctcg	ctacatcaac	acggggaaagc	1200
aagagggggc	gaagtgtgt	gtgggtgggg	cattgtgt	gaccgtgg	acttcatcca	1260
gcccaactgt	tttggagatg	tgcaggatgg	catgaccatc	gccaaggagg	agatcttgg	1320
gccagtgt	cagatcctg	agttcaagac	catagaggag	gttgtggga	gagccaacaa	1380
ttccacgtac	gggctggccg	cagctgtctt	cacaaaggat	ttggacaagg	ccaattact	1440
gtcccaaggcc	ctccaggcg	gcaactgtgt	ggtcaactgc	tatgtatgt	ttggagcca	1500
gtcaccctt	ggtggctaca	agatgtcg	gagtggccg	gagttggcg	agtacgggt	1560
gcaggcatac	actgaagtga	aaactgtcac	agtcaaagt	cctcagaaga	actcataaga	1620
atcatgcaag	cttcctccct	cagccattga	tgaaaagt	agcaagatca	gcaacaaaac	1680
caagaaaaat	gatccttgcg	tgctgaatat	ctgaaaagag	aaattttcc	tacaaaatct	1740
cttgggtcaa	gaaaggtct	gaatttgaat	tgataaacat	ggtgggttgg	ctgagggtaa	1800
gagtatatga	ggaacctttt	aaacgacaac	aatactgtct	gcttcagga	tgatffffaa	1860
aaaatagatt	caaatgtgtt	atccctctc	tgaaaacgtt	cctataactc	gagtttatag	1920
gggaagaaaa	agctattgtt	tacaattata	tcaccattaa	ggcaactgt	acaccctgt	1980
ttgttattctg	ggctaagatt	cattaaaaac	tagctgtct	taaaaaaaaa	aaagaa	2036

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1265 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

accagcaagc	aaccggccga	agtctggaaag	ggcgccggag	ccccgcgaac	cggcccgacg	60
gagcgcagga	ggttccccgc	cgccgcccgc	ttggcccccga	gttcctgcag	ccgcagccgg	120
cacggagggaa	gccagccccg	accttgcggcc	gctgcggccc	gcggctcccg	gccaaacccc	180
cctcaggaaa	gaggtttaa	aatcaaagat	gggaaaatcg	gagaaaattg	cccttccccca	240
tggccagctt	gttcatggta	tacacttgc	tgagcaacca	aagataaaaca	gacagaaaag	300
caaataataac	ttgcactaa	ccaagatcac	ctctgaaaaa	agaaatgaaa	acaactttg	360
gcaggattct	gtttcatctg	acagaattca	gaagcaggaa	aaaaagcctt	ttaaaaatac	420
cgagaacatt	aaaaattcgc	atttgaagaa	atcagcattt	ctaactgaag	tgagccaaaa	480
gaaaaattat	gctggggcaa	agtttagtga	tccaccttct	cctagtgttc	ttccaaagcc	540
tcctagtac	tggatggaa	gcactgttga	aaatccaaac	caaaacaggg	agctgatggc	600
agtacactta	aaaacgctcc	tcaaagtca	aacttagatt	tcagattca	gtatgtgtgt	660
aaaacataat	ttttccata	tccctggact	cttgagaaaa	ttggtagaca	aatggaaatt	720
tgcctgttg	caacatacaa	ttgcaaaaga	ttagttaaa	aaattacata	caaacagctt	780
gtattatatt	ttatattttg	taaatactgt	ataccatgt	ttatgtgtat	attgttcata	840
ctttagaggt	atattatagt	tttggatgtat	aagtatgtat	tttgcctgc	ccacattgc	900
ggtgtttgt	atataacaa	tggataaatt	ttaagtgtgt	gctaaggcac	atggaaagacc	960
gattttatt	gcacaaggta	ctgagattt	tttcaagaaaa	cagctgtcaa	atctcaaggt	1020
gaagatctaa	atgtgaacag	tttactaatg	cactactgaa	ttttaaatct	gtggcacaat	1080
caatgtaa	atggggtttgc	tttctctaaa	ttgattttgt	atctgaaatt	actgaacaac	1140
tcctattccc	atttttgtca	aactcaattt	ctggtttgg	tatatatcca	ttccagctt	1200
atgcctctaa	ttttatgtcc	aacaaaattt	ttttaatca	aattttaaaa	taataataat	1260
ttggcccccc	ctttttaaaa	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	a		1301

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2036 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

ctcgagccga	ttcggctcga	gctaattttt	aagtctcgat	tggaaatcag	ttagtaggtt	60
cataatgtgc	atgacagaaa	taagctttat	agtggtttac	tttcatttag	ctttggaagt	120
tttcttgcc	ttagtttgg	aagtaaattc	tagttgttag	ttctcatttg	taatgaacac	180
attaacgact	agattaaaat	attgccttca	agattgttct	tacttacaag	acttgctct	240
acttctatgc	tgaaaattga	ccctggatag	aatactataaa	ggttttgagt	tagctggaaa	300
agtgatcaga	ttaataaaatg	tatattggta	gttgaattta	gcaaagaaaat	agagataatc	360
atgattatac	cttattttt	acaggaagag	atgatgtaac	tagagtagt	gtctacagga	420
gtaataatgg	tttccaaaga	gtattttta	aaggaacaaa	acgagcatga	attaactctt	480
caatataagc	tatgaagtaa	tagttgttg	tgaattaaag	tggcaccagc	tagcacctct	540
gtgttttaag	ggtctttcaa	tgtttctaga	ataagccctt	attttcaagg	tttcataaca	600
ggcataaaaat	ctttctcct	ggcaaaagct	gctatgaaaa	gcctcagctt	ggaaagataag	660
attttttcc	ccccaaattac	aaaatctaag	tattttggcc	tttcaatttg	gaggagggca	720
aaagttggaa	gtaagaagtt	ttattttaag	tactttcagt	gctaaaaaaaa	atgcaatcac	780
tgtgttgtat	ataatagttc	ataggtgtat	cactcataat	aattgactct	aggctttta	840
ttaagaaaac	agcagaaaaga	ttaaatctt	aattaagtct	gggggaaat	gccactgca	900
gatggagtt	tagtagtagt	atgaaattct	acctagaatg	caaaattggg	tatatgaatt	960
acatagcatg	ttgttggat	tttttttaat	gtgcagaaga	tcaaagctac	ttggaaggag	1020
tgcctataat	ttgccagtag	ccacagatta	agattatatc	ttatatatca	gcagattagc	1080
tttagcttag	ggggagggtg	ggaaagttt	gggggggggt	tgtgaagatt	tagggggacc	1140
ttgatagaga	actttataaa	tttctttctc	ttaataaaag	acttgtctt	caccgtgctg	1200
ccattaaagg	cagctgttct	agagtttcag	tcacctaagt	acaccacaa	aacaatatga	1260
atatggagat	cttcctttac	ccctcaactt	taatttgc	agttatacct	cagtgttgt	1320
gcagactgt	gataccttgc	acagtgc	tttttttttt	tttttttttt	tttttttttt	1380
aggagaccta	agagtccctt	cccttttt	gtttgaatca	tagcctt	gtggctcttt	1440
gttttatgtc	cttgc	atgtaaaat	gtttaactgc	tttgc	tattgggt	1500
cattgggata	agatttaaac	tgggtattt	tgaattgtt	ttacaataaa	ccaattttat	1560
aatctttaaa	tttatcaact	ttttacattt	gtgttatttt	cagtcaagg	tttttttttt	1620
tacttatgtt	tgatggagca	cattgattt	gagtttcaga	tcttccaaag	cactatttt	1680
tgtatataact	tttcttaat	tagtgc	aaaggaaaaa	tgaacacagg	gaagtgtact	1740
tgctacaaat	aatgttgc	tgttaagtat	tcatattaaa	tacatgc	tttatatggaa	1800
catggcagaa	agactaaaaa	ataacagtaa	ttaattgtt	aattcagaat	tcataccaaat	1860
caagtgtt	actcaaacat	tgcaaaatgt	ggtggcaata	ttcagtgctt	aacactttt	1920
tagcgtt	acatctgaga	aatgatgtct	caggtggatt	ttatcctcgc	aagcatgtt	1980
ttataagaat	tgtgggtgt	cctatcataa	caattgtttt	ctgtatctt	aaaaagtatt	2040
ctccacat	taatgtttt	atattagaga	attttttat	gcacactt	caaataatata	2100
tatatagtac	caatgttacc	ttttttttt	ttgtttttaga	tgttaagagca	tgctcatatg	2160
ttaggtactt	acataaaattt	ttacattatt	ttttttat	taatacctt	ttgtttgtt	2220
atgtggttca	aatatatttct	ttccttaaac	tctaaaaaaa	aa		2262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1301 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STrang: einzel

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

caagtgtgag ccaccacacc tggcctggaa ggaaccttctt	aaaatcagtt tacgtttgt	60
attttgttct gtgatggagg acactggaga gagttgctat	tccagtcatt catgtcgagt	120
cactggactc tgaaaatcct attgggtcct ttattttatt	tgagttttaga gttcccttct	180
gggtttgtat tatgtctggc aaatgacctg gtttatcaact	tttcctccag gtttagatca	240
tagatcttgg aaactcctta gagagcattt tgctcctacc	aaggatcaga tactggagcc	300
ccacataata gatttcattt cactctagcc tacatagagc	tttctgttgc tgccttgc	360
catgcacttg tgcggtgatt acacacttga cagtaccagg	agacaaatga cttacagatc	420
ccccgacatg cctttttttt ttggcaagct cagttgcct	gatacttagca tgtttctgtt	480
tctgtatgtac cttttttctc ttcttcttg catcagccaa	ttcccaaaat ttccccagc	540
aatttgtaga ggacctttt ggggtcttat atgagccatg	tcctcaaagc ttttaaacct	600
ccttgccttc ctacaatatt cagtagatca ccactgtcat	cctagaaggc ttctgaaaag	660
agggggcaaga gccactctgc gccacaaagg ttgggtccat	cttctctccg aggttgtgaa	720
agttttcaaa ttgtactaat aggctgggc cctgacttgg	ctgtgggctt tgggaggggt	780
aagctgctt cttagatctc cccagtgggg catggaggtg	tttctgaatt ttgtctacact	840
cacagggtat ttgtgaggct tgaaaaggtc aaaaaatgtat	ggcccttga gctctttgt	900
agaaaaggtag atgaaaatatc ggatgtatc tgaaaaaaag	ataaaaatgtg acttccccctg	960
ctctgtgcag cagtcgggct ggatgctctg tggccttct	tgggtcctca tgccacccca	1020
cagctccagg aaccttgaag ccaatctggg ggactttcag	atgtttgaca aagaggtacc	1080
aggcaaactt cctgctacac atgccttggaa tgaattgcta	aatttcaaag gaaatggacc	1140
ctgcttttaa ggatgtacaa aagtatgtct gcatcgatgt	ctgtactgtt aatttctaat	1200
ttatcactgt acaaagaaaa ccccttgcta tttaattttt	tattaaagga aaataaaagtt	1260
ttgtttgtta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa	aaaa	1304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2262 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (A) LÄNGE: 1488 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

ttttactgac	cttgctagaa	gtttacagca	aggaagtgc	ggaacatttc	acaaatctac	60
aatctgtgag	tatcacatcc	tgtatacg	taaacactgg	aataaggaag	ggctgatgac	120
tttcagaaga	tgaaggttaag	tagaaaccgt	tgtatggact	gagaaaccag	agttaaaacc	180
tctttggagc	ttctgaggac	tcaagctggaa	ccaaacgggca	cagttggcaa	caccatcatg	240
acatcacaaac	ctgttccaa	tgagaccatc	atagtgc	catcaaatgt	catcaacttc	300
tcccaagcag	agaaaccgcg	acccaccaac	caggggcagg	atagcctgaa	gaaacatcta	360
cacgcagaaa	tcaaagttat	tgggactatc	cagatctgt	gtggcatgat	gttattgagc	420
ttggggatca	ttttggatc	tgcttccttc	tctccaaatt	ttacccaagt	gacttctaca	480
ctgttgaact	ctgcttaccc	attcatagga	ccctttttt	ttatcatctc	tggctctcta	540
tcaatcgcca	cagagaaaag	gttaaccaag	cttttggtgc	atagcagcct	ggttggaaagc	600
attctgagtg	ctctgtctgc	cctgggggt	ttcattatcc	tgtctgtcaa	acaggccacc	660
ttaaatccgt	cctcaactgca	gtgtgagtt	gacaaaaata	atataccac	aagaagttat	720
gtttcttact	tttatcatga	ttcaactttat	accacggact	gctatacagc	caaagccagt	780
ctggctggaa	ctctctctct	gatgctgatt	tgcaactctgc	tggattctg	cctagctgt	840
ctcaactgctg	tgctgcggtg	gaaacaggct	tactctact	tccctgggt	gagtgtgctg	900
gccggcttca	cttaaccttg	cctagtgtat	cttacccctg	cactgtgtt	agtatgtcac	960
caagagtgt	agaaggaaca	accagccat	cacgagatac	acatgggagg	gcatttgcat	1020
tgtgtatggaa	gacagagaag	aaaagcagat	ggcaattttag	tagctgataa	gctaaaaatt	1080
cactggat	gaaaatagg	aatcatgaga	aatcaactga	ttcaatctc	ctatcttgc	1140
agcgaaggga	atgagactct	gggaagttaa	atgactggcc	tggcattatg	ctatgagtt	1200
gtgccttgc	tgaggacact	agaacctggc	ttgcctccct	tataagcaga	aacaatttct	1260
gccacaacca	ctagtctt	taatagtatt	gacttggtaa	agggcattt	cacacgttaac	1320
tggatccagt	gaatgtctta	tgctctgcat	ttgcccctgg	tgatctaaa	attcgcttgc	1380
ctttttaaag	ctatattaaa	aatgtattgt	tgaatcaaaa	aaaaaaagg	agtgagaggt	1440
ggggtggggg	gggggaggag	ggggggccgt	ttaggggggg	ccgggttt		1488

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

cttttatact tgaaaatgac agccttaaat gctcatatca gtcacaaatc taggatgtac	2340
tgtcttggc tatgtgagct ttgttagagat tttaaaaaat ataagcatca cttcccccatt	2400
gaagagtgga gagagtctac tggatgactg gccaggaact ttctctctga atcggacatt	2460
tggatgtctt cttttttcca agaaatgggta gttcacatta aagtatcatg gccttatgta	2520
tgctcaaatg gaatcttatg taactttctt atttaatttt ggtctgctta ttttttagata	2580
aaattgaaaag gaattgtata aatcaattaa catattagct gagttgtcca acacatggta	2640
taaacgaatt acaacagtaa actattacac atttccaact tgccttggg gattttatgag	2700
gattttttt ggtggggggg gggggctcca attcatatct ctgaaaccct tcacacttgg	2760
tttactaatt caaagttaga agtctagaat ttgcctgccc ctaacagaaa cagatttaga	2820
atttgcctac acaaactggt gtcacctgtt tcttgactgg gatttggttt cctcattata	2880
aatatgggag gtagaaacaga gatctccaaac gtctctccca tttatcacag taattttctt	2940
attcacagta at	2952

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 615 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

gcaaggatgg tctcaatctc gacctcgta tccgcccacc ttggcctccc aaagtgttgg	60
gattacaggc gtgactcacc atgcccagcc acttagttt ttcttattcc caccttctta	120
tcccatagaa cactttttt tatctccctt gaaccatatt gatgagataa atagggctgg	180
gggctggggcc ccgctggta ctcacacagag tattttccctt ggccgagatg gaagttttgt	240
cccaatagat gagctgctga gtatcaacaa ggtgacattt ttctgctgcc catttgtgtc	300
ctggagacgg tggtaaccctg aaggcagagg ccagctgcc caagacagca atgacagtcc	360
acctgccgac ctgattcctg catcatggaa taaccacatg gctaccctt atcctctgtt	420
cccaaatgtt ggtggactt atcctgaagt cgtcaatgtat ttcccttta aactacttta	480
ttttactaat ttaaactatt ttgtactgat gtagccctga ggtagttcat gaaaatgctg	540
tgcactcatt ccatggata aatgttggaa agctgatctt ttctgatata aatgttgaat	600
tgataaaaaaaa aaaaa	615

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(C) STrang: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

gtgcggatgc	cggccggcaq	cagcatcatg	gctcacgggc	ccggcgcgct	gatgctcaag	60
tgcgtgggg	tcggcgacgg	ggcggtggc	aagacgtgcc	tactcatgag	ctatgccaac	120
gacgcctcc	cggaggagta	cgtgccacc	gtcttcgacc	actacgcagt	cagcgtcacc	180
gtggggggca	agaagttacct	cctaggactc	tatgacacgg	ccggacagga	agactatgac	240
cgtctgaggc	ctttatctta	ccaaatgacc	gatgtttcc	ttatatgctt	ctcggtggta	300
aatccagcct	catttcaaaa	tgtgaaagag	gagtgggtac	cggaacttaa	gaaatacgc	360
ccaaatgtac	ccttttattt	aataggaact	caagttgtac	tccgagatga	ccccaaaaact	420
ttagcaagac	tgaatgatat	gaaagaaaaaa	cctatatgtt	tggaaacaagg	acagaaacta	480
gcaaaagaga	taggacatg	ctgctatgtt	gaatgttca	ctttaaccca	gaagggatig	540
aagactgttt	ttgatgaggc	tatcatagcc	attttactc	caaagaaaaca	cactgtaaaa	600
aaaagaatag	gatcaagatg	tataaactgt	tgtttaatta	cgtgagaaac	atcttcagtg	660
gccaaggaaa	ctgtccattt	ctctcagaaa	gcaaatgaaa	tgctacagct	atacccagac	720
cttttataagg	taatgaagca	gttcaaaact	tgaagaaaaaa	caaaacctgt	cctcagaatt	780
ctataaaatgt	tattaagaat	gttccttaaa	ggtttaaqaa	qcaqtaagca	gcatctgaag	840
ccacaatcta	ttataaataac	tttatttcaa	ctagaaggtt	caatctctca	ggggtttcat	900
agtttaaaaaa	gctacaatca	catcatgtt	taactacgtt	aaaaacagag	ctgtaaatgg	960
aactgcttgg	ctttgaccat	acacatttct	gccagccct	tacagaatct	gcacaaagaa	1020
atatctccct	ttgctccagt	taattttct	tgtatgttaa	ttgctttcta	ttccagttata	1080
tccagagtgg	tgaataaaca	aggccagcca	cgtagccaaa	ggtcgtctca	agcgtacagg	1140
agatggggca	tacctgagga	gagaatgtat	gagatcaaaa	aagaacaaat	gttttattat	1200
tacttgagca	caagtgttac	ctaaatattt	ctatattaaa	gtttaatgtt	ctttcttaaa	1260
gaatgccaaa	agtgtataaa	ggtcataact	gttattatca	tgaacactaa	aaatgttacac	1320
attttagtta	atgtgcatta	aactgttaca	aggcttctgg	caattttaga	tttagtttga	1380
cgctcccaa	agtgcatttt	acacatgtca	aaatttacaaa	ttaaaatttt	gggtcagact	1440
ttgcctataat	gataactca	attagcttct	ctgttttttttt	tggtaatttt	ttttttttaa	1500
ttcccaactt	ggctgtgtac	atcaaatttt	atggaaatgtt	tgtatgttca	ccaaaccacca	1560
agaaaacttc	ttttaagttgt	gtttaaaatgg	aaagacatgtt	aatccaagcg	tgttacatga	1620
aaattttaac	agaggcattt	cttccacattt	tcagatataat	atgttggaa	cacaggcagaa	1680
gttataatgtt	gacaacttat	atacacaatct	agaatgtttaa	ttaaaacaaaa	taccggcttc	1740
cagagacccc	tttttccat	ccatatttaca	tcaggcttta	agtaattttat	tttgcatttt	1800
ttcatctaca	agcgttttgt	cccttaatgtt	aaaggcttctgc	tttttttttttt	aaagaaaaaaa	1860
aagggtggagg	aaaattttttca	tgttctttttt	tgaatgtttat	tttttttttttt	ggagccattt	1920
ctaatctttc	tctggggggaa	acaggccaca	gaactgttgtt	agagggtttttt	catctttaatt	1980
acttagtttta	ttacatataat	cagttttttt	gttgggttttt	ctgttttttttt	gccttattttc	2040
atatgcctat	catcagataaa	tggatgtttt	agataatgtt	tttttttttttt	tttttttttttt	2100
gaacaaccta	atgcatttttta	gagaaacaaat	ctcatcacat	tttttttttttt	tttttttttttt	2160
tttaaaatgtt	ctgttggccca	aatttataattt	tttttttttttt	tttttttttttt	tttttttttttt	2220
ttcacatgtac	tttggatttttt	agtttttttttt	actgtttttttt	tttttttttttt	tttttttttttt	2280

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

gaggcctgcg cccacacccct	ctcctgtcca gcctcgccc	gcctgggcag ggcccgccgc	60
cgtccgtgga tgagccacag	aacctttcc accttcccgag	cgagagaag tttccattcc	120
tcttcctt cctcctccgc	tgccacacttcc	tcctcgccct cccgtgtct	180
gaccgcggca tggagaaggc	cctgagacatg	tttccatgtg actttggcag	240
ccccactcgg agccctggc	cttcccgagcc	cgcccccgtt gggcaggcaa	300
ctaggagacg cctatgagtt	tgcggtggac	cgagagact tctcacctga	360
gtcaccacct ccaacaacca	catcgaggtg	agctggcggc tgacggcacc	420
gtcatgaaca cttcgctca	caagtggcag	ctggccggagg acgtggaccc	480
acctcggctc tgcgggagga	cggcagccctc	gacgtcggtg cacggcgatca	540
gaacacgtcc agcagacatt	ccggacggag	actatccggg cccgcataca	600
tccctgtgcc ccccgccccca	cgcctggccag	atcaaaaatct gagtgcctt	660
ccaggacatc tcagcccaagg	ttctagcccc	cccttccctt ctaacccat	720
tcccaaacta gggccctcca	ctctatccag	tacaacagct ggactccctg	780
tgatgcccag atttcagatt	ggcctccgt	ccctgccttccat gactgacaca	840
agggaaaggaa gatctaaaga	accactgt	atgggaccatgg caggacat	900
ggcagacgtc tgcaggacag	acaggcagac	aaaccctctg atctatgaag	960
gcaaggggac cagggacctg	gaaccctt	tctctgcaagg agtggagag	1020
ggtcacaggc aagggtgcct	atctaagtgg	acagaggggaa ccagggc	1080
agaggagaca gccgtgacgg	taaacttccc	ccggacggc agcaaggcca	1140
agcaggctgc ctgcccaccc	cgtccccca	ctctaccaggc ctccaaagccc	1200
ccacatctgt atatacatgg	cgccatcttca	cacgcccacg	1260
actcctggcg tcctgcgcct	atctttcca	atacagctgg ttcgtataa	1320
ggctggctct tctccctccc	acaggcctgt	actgcataa actgcataaa	1380
tcacctaaca gagatggaa	ccaggccatg	ttcgtataa atcttccat	1440
ccagcttcc gccaccttcc	cctccggca	tttccat cttccatccc	1500
ctatgaatct ataggctgg	tgtgttaac	cttccatccc cttccatccc	1560
ctcagcatttta ccatgggtt	acacacaccc	tttccatccc cttccatccc	1620
ccattttcat taacggggaa	ctatccccga	tttccatccc cttccatccc	1680
gttagatctg aaccaagggt	gtcaacagct	tttccatccc cttccatccc	1740
gagtattcc cctcattcta	gtctcaact	tttccatccc cttccatccc	1800
ggggatggg gggagtata	ccccaccc	tttccatccc cttccatccc	1860
tcagcetaa ccctggaaa	gtctcaact	tttccatccc cttccatccc	1920
tacagaagca gggggggg	ccccaccc	tttccatccc cttccatccc	1980
cagcctcctc cttccatgca	gtctcaact	tttccatccc cttccatccc	2040
cactctggc cccttgggg	ccccaccc	tttccatccc cttccatccc	2100
acctgtataac acaataaaagg	gtctcaact	tttccatccc cttccatccc	2160
aaaacttagg gcaaggccctt	ccccaccc	tttccatccc cttccatccc	2192
acttgagaga aa			

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2952 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

ataaccatct ggagtgtgtc cagtttggc ttcataggac caattttat ttgcagcttg	1380
agtttttata tgaagttgca ttattgttgc cttggctgtc ttgtgtatgaa tttttttcat	1440
atgtattctg tgccatacta ttgttaaaat gaactgttgc tattgtgaga tgatgtttaa	1500
ctgacctatt aagggtttct ttcaaatggc actacttttag ggacattcta gtatgttgc	1560
ctattgtttg ggccttgtgg ataatgtaca gattaaaaaa caaatctgt tgctgatttg	1620
tccatttctt tccctgcact ttgttacatc tgggatacag tctaactcat ctgatgttaa	1680
atgcatttaa aaaaatgcca taactattaa acaccttgtt tacagacaga tgaaataaaat	1740
ttattccaac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagag	1776

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 360 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

gccacgggtc cggccacggg tgcggccacg ggtccgacaa tagtatgcag ctaaaaaata	60
attgtatgtc ttatataact aatatgtaat aatcttcagg tgaaaaaggc aagccacaga	120
aatgtgtata ggcacttcc catttgcgtt tcagaaagga gtatata aacacataat	180
tgcttatgtatca gaataaatgg gtaacactga ttactttgg gaggggaacc	240
agtaggttga ggacaggaga gggaaagggtc ttaacactta caccctttg tacatttga	300
attttgaacc atgtgactgt attacattt caaaataaaac aataaatggg cccaaacagg	360

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: Basenpaare
- (B) TYP: 2192 Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

cgattgtc aaggaccat	gggagagagg	aggcttgac	tgggctgcct	gcctgtgagg	120
tctctggact	agaggtccaa	cgcagtcag	ctgacaagga	tggaaatacgc	180
cttagccctc	tctaccccaa	gtccctctcc	agcatgtgt	cagtgcgtac	240
acccagcagc	tgctgtcgga	gcccagcccc	aaggccccca	gggcccggcc	300
agcacggcgg	atcgaagcgt	gaggaaggc	atcatggctt	acagtcttga	360
ctcaagggtcc	gggacactct	gatgctggca	gacaagccct	tcttcctgggt	420
gatggcacaa	ctgttagagac	agaagagtac	ttccaagcccc	tggcaagggga	480
atggtcctcc	agaagggca	gaaatggcag	cccccatca	aacaggggac	538

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1776 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

gtctaggcgc	gcccgcgtc	cgcctgtgc	tcctcgccgt	ccgcgcgtca	gtgcgaaggg	60
ctcgaagatg	gcccgttggc	agagctacgt	ggataacctg	atgtgcgtat	gctgctgcct	120
ggaggccccc	attgtcggt	actgcacgc	caaatacgtc	tgggcagcca	cgccgggggg	180
cgtctttcag	agcattacgc	caatagaat	agatatgatt	gtaggaaaag	accgggaagg	240
tttctttacc	aacggtttga	ctcttggcgc	gaagaaatgc	tcagtgtatca	gagatagtct	300
atacgtcgat	ggtgactgca	caatggacat	ccggacaaag	agtcaaggtg	gggagccaac	360
atacaatgtg	gctgtcggca	gagctggtag	agcattgggt	atagtcatgg	gaaagggaaagg	420
tgtccacgga	ggcacactta	acaagaaagc	atatgaactc	gctttataacc	tgaggaggtc	480
tgatgtgtaa	gcagcctctc	cccatctacc	tagcaactgt	cttcatcaac	aaccctaatt	540
atggtcacaa	tgttacccaa	ctgttagatgg	tagctaattt	ttcttttacc	tttttctaatt	600
gtcatgattc	ctgtttgccc	aatggatcat	ttgtatgtta	accactgtat	gtaaccaacc	660
cttatctggc	aacataattt	cagcacataa	atgatttgca	tgatactttt	aaattggggg	720
gagggggcat	gccaagttgg	gcatcacttt	gtcttagcaa	ttaatggat	attgattact	780
aaaataaagt	aatattaagc	aagggtccgg	ttgtacaatc	tctgtatcgt	gtcttttcag	840
cactttgagc	atttacttgg	ctcatttagt	cttccttttg	tagcgtatgg	ttgggaggaa	900
aaagtgcattg	catcatctt	tcactttct	ctttttcccg	cccccccttc	ctttcgcaca	960
taggcatttgc	gtttgcttcc	atctttttt	atgcagtgc	tgtttttttt	taaccaatta	1020
aaatccccctt	tgttgcgttgc	ctattgagag	ctgcagtagt	ttgttttttt	tattgttgtt	1080
gcactttgagc	agagacaaac	ctttatcat	atgttctaca	ggacatata	agagtgcata	1140
ggcaaaaacaa	gagaaaaag	cacttcctcc	catgacctta	cagtaaccat	actgattgaa	1200
tccccaggg	cattccatca	tttgcata	tcagatttt	tttgcacac	tttgcacac	1260
cagctctact	cttttagaaa	attgtaaaag	gctgccat	tggacattag	gtatccaaac	1320

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

cttagatgtg	gctctttggg	gagataattt	tgtccagaga	cctttcttaac	gtattcatgc	60
cttgtatttg	tacagcatta	atctggtaat	tgattatttt	aatgttaacct	tgctaaagga	120
gtgatttcta	tttcctttct	taaagaggag	gaacaagaag	atgagaaga	aatcgatgtt	180
gtttctgtgg	aaaagaggca	ggctcctggc	aaaaggtcag	agtctggatc	accttctgct	240
ggaggccaca	gcaaacctcc	tcacagccca	ctggtoctca	agaggtgcca	cgtctccaca	300
catcagcaca	actaacgcagc	gcctccctcc	actcggaaagg	actatcctgc	tgccaagagg	360
gtcaagttgg	acagtgtcag	agtccctgaga	cagatcagca	acaaccgaaa	atgcaccagc	420
cccaggtcct	cggacaccga	ggagaatgtc	aagaggcgaa	cacacaacgt	cttggagcgc	480
cagaggagga	acgagctaaa	acggagctt	tttgcctgc	gtgaccagat	cccgagttg	540
gaaaacaatg	aaaaggcccc	caaggtagtt	atccttaaaa	aagccacagc	atacatcctg	600
tccgtccaag	cagaggagca	aaagctcatt	tctgaagagg	acttggcgc	gaaacgcacga	660
gaacagtta	aacacaaact	tgaacagcta	cgaactctt	gtgcgttaagg	aaaagtaagg	720
aaaacgattc	cttctaacag	aaatgtcctg	agcaatcacc	tatgaacttg	tttcaaattgc	780
atgatcaaat	gcaacctcac	aaccttggct	gagtcttgag	actgaaagat	ttagccataaa	840
tgtaaactgc	ctcaaattgg	actttggca	taaaagaact	tttttatgct	taccatctt	900
tttttttctt	taacagattt	gtatttaaga	attgtttta	aaaaatttta	agatttacac	960
aatgtttctc	tgtaaatatt	gccattaaat	gtaaataact	ttaataaaac	gtttatagca	1020
gttacacaga	atttcaatcc	tagtatata	taccttagat	tataggtact	ataaaacccta	1080
attttttta	tttaagtaca	ttttgccttt	taaagttgat	tttttctat	tgtttttaga	1140
aaaaataaaa	taactggcaa	atatatcatt	gagccaaaaa	gaaaaaaaaa	gaaaaaaaaag	1200
gaagaaaagg	gaggggggg					1219

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 538 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

ccaggaggct	gtgagggggga	gaatgtttttt	ttggccactg	tgaagccctca	ggaagggggct	60
------------	-------------	-------------	------------	-------------	-------------	----

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

ctttaaccag	ttattttacag	tgtgctcatt	cgttcagaaa	ttagatacaa	aatctcaaga	60
cctgttacta	ctgattttat	taaatcagag	tctttaattc	ttgcatgttt	gtatctaatt	120
tctgaacgaa	tgagcacact	ttaaccagtt	atttacagtt	accttttcc	ttaaccgga	180
ttgtgaaagc	ttcatgtatt	ttaattttaga	ttctgtgttt	ttaagggttc	tgagcatgaa	240
gctggcagat	agtcggcagg	actcatttt	tcatcatggc	tggctgattt	ctccatagat	300
tgataaacat	attttgttat	cttgcttctc	tgtagttttg	catcagctgt	ttaactttga	360
gctgagtgag	gggagagggg	taaagagaaa	gaaacttaag	ttttcttca	cagaactcca	420
ccattgtggg	ctttgagaga	gccctaaagc	attgtaccta	gtggcaccta	gtgacttcca	480
accaaaggct	ttgagtatgc	actaaatagg	tgagaagaaa	ggagagaagg	tttttaggtt	540
agaaaacctt	aaccgataga	aggatatggt	atgttgcataa	gctggAACCA	agtttgcatt	600
tttgagggct	tgagatgaag	ggaagactct	taccagataa	taagacagct	gagttttcct	660
cagttttctc	gtcttaacac	tagtggacaa	ttctagcatt	ttgtttggag	gatttcagag	720
ttaacctcat	ggaattcagg	attttttagc	aagtttgctt	ttgggtttat	cttggctttt	780
agtaatcatg	ttggctggc	ttgtcacagg	tgactgtgaa	acagatgccc	ttgtcttgct	840
ttcatcactc	taggatcatg	aagtgcata	ctatttcctg	gttatgaata	ttaagggtgg	900
aattacattt	ttatttgattt	tttggatcag	agctcagttc	ctgtagaaaaa	cgaactgtaa	960
aagaccatgc	aagaggcaaa	ataaaaactt	aagtgaatgc	taaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	1020
aaaaaa						1025

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1219 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

gcggaaaagt	agagccagca	gcaaaaacta	cattttgcaa	cttgttgtg	tggatctatt	840
ggctgatcta	tgcctttcaa	ctagaaaaatt	ctaatgattt	gcaagtcacg	ttgttttcaag	900
gtccagagta	gtttttctt	gtctgctta	aatggaaaca	gactcatacc	acacttacaa	960
ttaaggtcaa	gcccgaaag	tgataagtgc	agggaggaaa	agtgcacgtc	cattatgraa	1020
tagtgacagc	aaagggacca	ggggagaggc	atgccttct	ctgcccacag	tctttccgtg	1080
tgatttgttt	tgaatctgaa	tcagccagtc	tcagatgccc	caaagtttcg	ttccctatga	1140
gccccggggca	tgatctgatc	cccaagacat	gtggaggggc	agcctgtgcc	tgcctttgtg	1200
tcagaaaaag	gaaaccacag	tgagcctgag	agagacggcg	atttcgggc	tgagaaggca	1260
gtagtttca	aaacacatag	ttaaaaaaga	aacaaatgaa	aaaaatittt	gaacagtcca	1320
gcaaattgt	agtcaagggt	aattgtgaaa	ttgggtgaag	agcttaggt	tctaatctca	1380
tgtttttcc	ttttcacatt	tttaaaagaa	caatgacaaa	cacccactt	tttttcaagg	1440
ttttaaaaca	gtctacattt	agcatttgaa	aggtgtgcta	gaacaagggtc	tcctgatccg	1500
tccgaggctg	cttcccagag	gagcagctct	ccccaggcat	ttgccaagggg	aggcggattt	1560
ccctggtagt	gtagctgtgt	ggctttctt	cctgaagagt	ccgtgggtgc	cctagaacct	1620
aacacccct	agcaaaaactc	acagagctt	ccgtttttt	cttctctgt	aagaaacatt	1680
tcctttgaac	ttgattgcct	atggatcaa	gaaattcaga	acagctgccc	tgtccccccg	1740
cacttttac	atatatttgt	ttcattttctg	cagatggaaa	tttgacatgg	gtgggggtgtc	1800
cccatccagc	gagagagttt	caaaagcaaa	acatctctgc	agtttttccc	aagtaccctg	1860
agatacttcc	caaagccctt	atgtttaatc	agcgatgtat	ataagccagt	tcacttagac	1920
aactttaccc	ttcttgtcca	atgtacagga	atagttctta	aaaaaaatgc	atattaattt	1980
cttcccccaa	agccggattc	ttaattctct	gcaacacttt	gaggacattt	atgattgtcc	2040
ctctgggcca	atgcttatac	ccagtgagga	tgctgcagtg	aggctgtaaa	gtggccccc	2100
gcggccctag	cctgaccgg	aggaaaggat	ggtagattct	gttaactctt	gaagactcca	2160
gtatgaaaat	cagcatgccc	gccttagttac	ctaccggaga	gttatcctga	taaattaacc	2220
tctcacagtt	agtgtatctg	tccttttaac	acctttttt	ttgggttctc	tctgaccttt	2280
catcgtaaaag	tgctggggac	cttaagtgtat	ttgcctgtaa	ttttggatga	ttaaaaaatg	2340
tgtatataata	ttagctaatt	agaaatattt	tacttctctg	ttgtcaaact	gaaattcaga	2400
gcaagttcct	gagtgcgtgg	atctgggtct	tagttctgg	tgattcactc	aagagttcag	2460
tgctcatacg	tatctgtca	ttttgacaaa	gtgcctcatg	caacccggcc	ctctctctgc	2520
ggcagagttcc	ttagtggagg	gttttacctg	gaacattagt	agttaccaca	gaatacggaa	2580
gagcaggtga	ctgtgtctgt	cagctctcta	aatggaaatt	ctcaggtagg	aagcaacagc	2640
ttcagaaaaga	gctaaaata	aattggaaat	gtgaatcgca	gctgtgggtt	ttaccaccgt	2700
ctgtctcaga	gtcccaggac	cttgagtgtc	attagttact	ttattgaagg	tttttagaccc	2760
atagcagctt	tgtctctgtc	acatcagcaa	tttcagaacc	aaaaggagg	ctctctgtag	2820
gcacagagct	gcactatcac	gagcctttgt	ttttctccac	aaagtatcta	acaaaaccaa	2880
tgtgcagact	gattggcctg	gtcattggtc	tccgagagag	gaggtttgcc	tgtgatttcc	2940
taattatcgc	tagggcaag	gtgggattt	taaagcttta	caataatcat	tctggataga	3000
gtcctgggag	gtccttggca	gaactcagtt	aaatcttga	agaatattt	tagttatctt	3060
agaagatagc	atgggaggtg	aggattccaa	aaacattttt	ttttaaaat	atcctgtgt	3120
acacttggct	cttggtagct	gtgggttagc	atcaagttct	ccccagggtt	gaattcaatc	3180
agagctccag	tttgcattt	gatgtgtaaa	ttacagtaat	cccatcccc	aaacctaaaa	3240
tctgttttc	tcatcagact	ctgagtaact	ggttgcgtgt	tcataacttc	atagatgcag	3300
gaggctcagg	tgatctgttt	gaggagagca	ccctaggcag	cctgcaggga	ataacatact	3360
ggccgttctg	acctgttgcc	agcagataca	caggacatgg	atgaaattcc	cgtttctct	3420
agtttcttcc	tgttagtactc	ctctttttaga	tcctaaatgtc	cttacaaaag	ctttqaatac	3480
tgtgaaaatg	ttttacattt	catttcattt	gtgttgtttt	tttaactgca	ttttaccaga	3540
tgtttttagt	ttatcgctt	tgttaatagt	aattcccgta	cgtgttcatt	ttatttcat	3600
gctttttcag	ccatgtatca	atattcactt	gactaaaatc	actcaattaa	tcaataaaaa	3660
aaaaaaaaaa						3670

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1025 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

tcacagaatt	cacatgccgt	tctttgttct	gtagattcgc	ccagttcag	cctgacttct	1980
tattcagaga	cttgcacatgg	catttcacaa	ataccgcagg	tgccttcct	ttctgcaaat	2040
gagacactt	ctccctagaa	cagaagatca	ccttttctg	agtctctcct	gctttactc	2100
tgatcttctg	aatggcgaag	ccgggactgc	tccaccagtc	tgaccagcta	aagtatgaat	2160
cactcttcca	ttttagcttc	aacatgagta	gttctccaat	atctacctct	gtgtaaat	2220
ggaaggagta	ggtcttattt	gtggaaacctt	caggcagagt	gaatggatg	ttctcactct	2280
cggccacggt	gccatacaga	gaaatctcaa	aggcctgatt	ggtatgggtt	tcactctca	2340
tcccagaaaa	atgaatctt	acttggtaat	ggaagacttt	gtagggcatc	tgagaacgag	2400
tcttcaggtt	cattttgctg	cttcttttgg	ctctgacttt	attgatctca	tagcccagat	2460
tgttgcagcg	gttctttctt	caactcaagc	agagcccttt	ctcaaaggct	tccttggAAC	2520
tgcacctgtt	ggccttactt	ggattttctt	cattcaacag	agagtgcgt	aagagatgaa	2580
tggagcgctc	gtgggagcac	ttcaactagct	ggtccacatc	tccaagtctt	ctctctgcaa	2640
tcacgcggat	agcttctcca	atgttacatc	ctgctgaaa	agtacctcca	ttcgggtaaa	2700
tgtcaacatg	cccaactggt	ttctggattt	caatgcttcg	accaggggac	cctctgggtga	2760
atgtgtgtaa	gacgtctaca	aaatctgcat	catcaggaga	aagacgactc	ggggcttctg	2820
catactcaaa	gttaggtcca	gctggatcga	ggccagtaat	tctgttgaac	tttcttattt	2880
gtcagacttc	ctgcaatgcc	agcagcatgg	gctccaaggc	tgtatccaa	gagatggac	2939

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1292 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

gcatcgccat	gacgccgccc	aatgccaccc	aaggctccaa	gcccccaaggc	acaacgggt	60
gtcctccctg	tgacaacggag	ttgaaaatctg	aggccatcat	tgaacatctc	tgtgccagcg	120
agtttgcact	gaggatggaa	ataaaaagaag	tgaaaaaaaga	aaatggcgac	aagaagattt	180
tcccccaagaa	gaagaagccc	ctgaagttgg	ggcccatcaa	gaagaaggac	ctgaagaagc	240
ttgtgctgtt	cctgaagaat	ggggctgtact	gtccctggca	ccagctggac	aacctcagcc	300
accacttcct	catcatgggc	cgcaagggtga	agagccagta	cttgcgtacg	gccatccaca	360
agtgggacaa	gaaaaacaag	gagttcaaaa	acttcatgaa	gaaaatgaaa	aaccatgagt	420
gccccacctt	tcagtccgtt	tttaagtgtat	tctccccgggg	gcaggggtggg	gaggggacct	480
cgggtgggtt	gggagcgggg	gggacagtgc	cccgggaaacc	cggtgggtca	cacacacgca	540
ctgcgcctgt	cagtagtgg	cattgttaatc	cagtcggctt	gttcttgcag	cattcccgt	600
cccttccctc	catagccacg	ctccaaacccc	cagggttagcc	atggccgggt	aaagcaaggg	660
ccattttagat	taggaagggtt	tttaagatcc	gcaatgtgg	gcagcagcca	ctgcacagga	720
ggaggtgaca	aaccatcc	aacagcaaca	cagccactaa	aacacaaaaaa	gggggattgg	780

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2939 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

ttttttttttt	ttttttttgt	ggtaataaaaa	tgttgtcaat	tttattaaaa	gctgattccca	60
tttcttcaca	cagttaagta	cgtttttttc	ttgttttgg	aaagccccatt	tcataagagt	120
gagttggctc	tgtgagacca	tcactgataa	agacacatatac	agtttagcacc	acacatttat	180
aaatgcagat	agccacaatag	accttccaa	tatgtacaag	ctccatttac	acatccacac	240
atgttattac	agctaataaa	taaaatgtaa	agccagaaca	tccttgatat	atataaaca	300
gtttttcgga	gccagagttc	ccagtgctat	gtgctgttt	agtgaatctt	ttaagttaat	360
gcaccctggg	tcacaaccca	aatccagaaa	ttaatgaat	taataaaggg	gatgccaaca	420
acaatcata	catcatttta	tttttagaga	gaattcattc	caaggctgtat	gatgttaatc	480
acaacattgg	tcttactatt	tataggcacg	atcatctctc	tcagagaaag	ggtcgaagtt	540
ctggcacatc	agaacaatt	tctactccga	catgttccaa	tacatccctt	gatcgactgt	600
tttcccttcc	gaattatgct	gaaggacaac	acacatgcag	agctttctag	tatgtgttca	660
gatatcacat	actttcacag	tcgggttccc	agctatagcc	tctgagatat	ttgacatctt	720
tatcatttca	tatitatacag	tagaagagca	ttctgaaaaaa	taggagatct	agtttataaa	780
tagttgttca	ctcaacttttgc	attagttgtt	aaaaacaaca	aatagcaacc	ctcatggtac	840
tccatctggc	tcatttgacac	cgtatggttt	caagcactgc	tttagaatcc	accccgagaa	900
cctctccacc	cttttactta	gtaaaaacgg	tccttgcata	aaatctgtag	aagctcacac	960
aatgcaaaat	ttgaactcaa	acctatcttt	tcatgtcaaa	gccaggaaca	aaagagacgc	1020
actggaaagta	caactgaagc	atgaccaagg	taagcctaaa	actgaagagt	aactgtcaga	1080
tattgaatga	ttttaaatttgc	atgaaaaatca	tttggagaat	ctaataataa	aattacgttt	1140
tctttttttt	tttctgcacc	attcaattta	tgtgtcagat	gaggattaca	ggctcatttt	1200
caacacccatc	ccagagaaca	tttattataat	ataatcttga	gacaaaaaaag	aaagggggaga	1260
gagggattaa	gcaataaaacg	ataaaagctta	ttaagaattta	attgtatctag	attttatatac	1320
tccttgaatt	tgtaaactttgc	tcatgtgc	ggccaatgtt	agggactgtt	taaaacctct	1380
tggtttatca	gaccctttct	tcgtccctct	ccaagttaca	tgttccctgg	tgacgtctgg	1440
accacattcc	aatagcaaga	gggaatcatt	ctaaaaacatc	atccatactg	ctgtgttagat	1500
gagttctgatt	cgtggccgcgg	aaaagcattt	tctgtattct	tggagactta	gagtaaaagtt	1560
tgagaaggcc	tcagtccgaa	agatccagaa	ttccaatttaa	aataggaggt	tctaaccaat	1620
tataggctat	ggcccaatac	gccacatgaa	ggagccttat	tttactctgc	gctcaaacaa	1680
tttattttctt	ctcaaaggac	aaaacagcac	ttttcatgtat	ccactgtttt	tttaacgttgg	1740
aggatgtgct	atttggccac	tataccccat	aaattgaatt	agccactttt	tagtgcgttg	1800
gactgtctcc	taaaaataact	aacaagggtt	gggctgggtt	taatatttca	gaaaatccac	1860
ttttgaaaca	cccccaacac	tggttatgtt	ttttaaaaat	tacttctcc	acttcaatct	1920

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

acccacgggg	ctgccctccc	ctgcgcactc	ccctcgctgc	ccggggcccg	agcgca	gtgg	60
ggccgcacag	attcacaatg	ttgaaagccc	tttccttaac	tatgctgact	ctggcg	ctgg	120
tcaagtaca	ggacaccgaa	gaaaccatca	cgtacacgc	atgcactgac	ggatat	gagt	180
gggatcctgt	gagacagcaa	tgcaaagata	ttgatgaatg	tgacattgtc	ccagacg	cctt	240
gtaaagggtt	aatgaagtgt	gtcaaccact	atggaggata	cctctgc	ccgaaa	acag	300
cccagattat	tgtcaataat	gaacaggc	tc ac	agcaggaa	acaacc	agca	360
caggggcaac	caccggggt	gtagctgcca	gcagcatggc	aaccagtgg	gtgttgc	cccc	420
gggggtgg	ttt	tgtggcc	act	gtcg	actggcc	gaa	480
ataactttgt	catccggcgg	aacc	acc	tc	acc	cttccc	540
accgtatcca	gtgtgcagca	ggctac	gagc	aa	act	gtgc	600
acgagtgcac	tgcagggac	cacaact	gt	gac	at	tttac	660
gatccttgc	atgtcagtc	cctc	c	atc	aga	aggc	720
tagatgaatg	taccatcc	ccatatt	g	acc	aa	atg	780
tttattgcca	gtgcagtc	gggttca	at	tg	ca	actata	840
taaatgaatg	tgtgcc	aatcaat	gt	tc	ac	acatt	900
tcatctgtca	gtgaatcaa	ggatat	gagc	taa	g	gtgttca	960
ttgatgaatg	cagaacctca	agctac	ctgt	caat	at	gtcaat	1020
aattctcatg	tatgtgc	cagg	gata	cc	aa	atgt	1080
taaatgagtg	tgagaccaca	aatgaat	g	gg	gg	atgttgg	1140
gcggcttcc	ttgttatcca	cgaaat	c	t	ca	atcttct	1200
accgatgtgt	ttgccc	tcaat	tg	cc	ac	ccag	1260
acaaatacat	gagcatcc	tctgat	tg	cc	ac	atcttcc	1320
ccacaactat	ttatgcca	accat	tt	cg	taa	tctt	1380
gagagttcta	cctacgac	acaag	tc	t	at	ttct	1440
tatcaggacc	aagagaacat	atcgt	gg	at	gt	gtgtc	1500
ccttccgcac	aagctctgt	ttaagat	g	gg	gg	atgtttag	1560
ctttctta	agtcaacc	aggcatt	aa	tt	tt	tttttttt	1620
actat	ttat	atc	taa	tt	tt	tttttttt	1680
aattcaaa	at	atc	at	tt	tt	tttttttt	1740
gtcttatta	ctat	at	at	tt	tt	tttttttt	1800
ctaagtata	actat	at	aa	tt	tt	tttttttt	1860
gatgatctc	tgtgt	aagg	aa	tt	tt	tttttttt	1920
ggcagccatc	ataacc	at	aa	tt	tt	tttttttt	1980
taagaaaatg	gaaaagg	at	aa	tt	tt	tttttttt	2040
ttgtgttgtt	tttattt	at	aa	gg	tt	tttttttt	2100
atcat	tgat	tt	aa	gg	tt	tttttttt	2160
gattgt	tttt	tt	tt	tt	tt	tttttttt	2220
agatatcccc	tagaaaat	tac	tt	tt	tt	tttttttt	2280
ttcccttctaa	accacat	tt	tt	tt	tt	tttttttt	2340
ccctgaattc	aggacttcc	caagat	tc	tt	tt	tttttttt	2400
gaagttttaa	tttctta	aaat	tt	tt	tt	tttttttt	2460
ttctcatctt	cgtactt	gctc	ca	tt	tt	tttttttt	2520
catccagagt	gacagt	aa	tt	tt	tt	tttttttt	2580
tatacgtctc	tttttt	aa	tt	tt	tt	tttttttt	2640
aaataaaat	tc	tt	tt	tt	tt	tttttttt	2659

- (A) LÄNGE: 1036 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

ggccggccgc	cttttaacc	cccttcctt	ccttttttc	tgttgtgaa	tgtatattta	60
ttagcttgc	aatttggcc	tgcctttagc	attaataagc	ttcagcacta	gtcacaagac	120
tttcattcac	tggtggggaa	actttcttgc	tttaaaaaat	gcaattcaag	aaagggcata	180
tatccattgg	gggctgcgtt	gacagcaggc	ttctcttcac	gggtgtatggg	aatggtgcc	240
tcaggggccag	agacctgttt	ccttggtcca	ttcacagtga	ggaccaccatc	agatgacagg	300
gatgaagtaa	tggtgagagg	gtctacatca	gctggatcc	ggtatttctt	gtggaaactcc	360
ctggagatga	aaccatgttc	atcctggcgc	tttcatgtt	ttccatgcac	ctcaatcaca	420
tctcccaaca	ccttaacttt	gagttccctt	ggggagaagt	gttccacatc	caggttgaca	480
gagaacctgt	ccttctccag	gcgcatctt	gagagtccag	tgtcaaacca	gtctgggtgcc	540
cgcaggaagg	agggtggccg	aaggtagaag	gactcaggg	aagtagacgt	cgggaaaaga	600
tcagactcca	acaggtgctc	tccgaagaac	tggtcaaaga	ggcggctggg	ggagtggaaa	660
gaaaaaaagg	ggccggcgat	ccaggggtgg	tggatggcga	tgtccatgg	ggcttaggtga	720
gtgtgagggg	tcagctggcc	tggtcagctc	cttcagctgc	agctacagcc	agcccccttat	780
atatgcagtc	ttgtgaagct	tctggaatgg	tgtgtcagg	ggttttatta	tccttagctca	840
ccagcagttc	atggagactt	gtgatccggg	attggcaat	gtgacacata	cccagttactc	900
acttagctaa	gaaaagagag	acacaacac	gtctgagccg	gccagtgact	tgtcatggc	960
ttgtttcaact	agctttctgt	ccacacccaa	tggcacccac	ccccacccct	gttctctgaa	1020
gctggtacag	agtcaq					1036

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2659 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

agaaaatagt ttcaaggaga ccatagccaa gatcaacttc aaagtttag attcagaaaat	60
ggtggctgtt gtgacggaca aatggtcccc gtggacctgg gccagctctg tgagggctt	120
acccttccac ccgaaggaca tcatggggc attcagccac tcagaaatgc agatgattaa	180
ccaaatactgc aaagacactc ggcagcaaca tcagcaggaa gatgaatcac agaaaatgag	240
aggggactat ggcaagttaa aggcctcat caatagtcgg aaaagtagaa acaggaggaa	300
tcagttgcga gagtcataat attttctt attttctt tggggtctta tgcttccatt aacaaatgct	360
ctgtcttcaa tgatcaaatt ttgagcaaag aaacttgc tttaccaagg ggaattactg	420
aaaaaggtga ttactcctga agtgagttt acacgaactg aaatgagcat gcattttctt	480
gtatgatagt gactagcact agacatgtca tggcctcat ggtgcataata aatataatttt	540
acttaaccca gatttttattt atatctttat tcacctttc ttcaaaatcg atatggtgc	600
tgcaaaacta gaattgtgc atccctcaat tgaatgaggg ccataccct gtggattttcc	660
tttctgttggc ttgggcttta gaattctaat tgcgtgtat tttgtatatg aaaacaagtt	720
ccaaatccac agcttttacg tagtaaaagt cataatgc tatgacagaa tggctatcaa	780
aagaaataga aaaggaagac ggcatttaaa gttgtataaa aacacgagtt attcataaaag	840
agaaaatgat gagttttat gtttccaatg aaatatgtt gggttttttt aagattgtaa	900
aaataatcatg ttactgttat ctgtcaactg cctttgtttc cttattcagg aagataaaaa	960
tcagtaaccc accccatgaa gatatttggt gggagttata tcagtgaagc agtttggtt	1020
atattttat gttatcacct tccaaacaaa agcacttact tttttggaa gttattttat	1080
ttattttaga ctcaaagaat ataatcttc actactcagt tattactgtt tgttctctta	1140
tcccttagtc tgggtggcaa attaaacaat ataagaagga aaaatgtt gatttagact	1200
tctaaataag gggtaaaatc atcagaaaga aaaatcaaag tagaaactac taattttttt	1260
agaggaattt ataacaaata tggctagttt tcaacttcag tactcaaatt caatgattct	1320
tccttttattt aaaaccagtc tcagatatac tactgattt taagtcaaca ctatataattt	1380
tatgatctt tcagtggtat ggcaaggtgc ttgttatgtc tagaaagtaa gaaaacaata	1440
tgaggagaca ttctgtctt caaaaggtaa tggtacatac gttcaactggt ctctaagtgt	1500
aaaagtagta aattttgtga tgaataaaat aattatctcc taattgtatg ttgaaataat	1560
tttatttagaa taatttcata ctgaaattat ttctccaaa taaaatttag atggaaaaat	1620
gtaaaaaaa ttattcatgc tctcatatat attttaaaaa cactacttt gcttttttat	1680
ttaccttta agacatttc atgctccag gtaaaaacag atattgtacc atgtacctaa	1740
tccaaatatac atataaacat ttattttata gtaataatc tatgtgaag gtaattttaaag	1800
tagattatgg ccttttaag tattgcagtc taaaacttc aaaactaaaa tcattgtcaa	1860
aattaatatac attattaatc agaataatcag aatatgattc actattttaa ctatgataaa	1920
ttatgataat atatqaggag gcctcgctat agaaaaataa gttaaaatgc tgacataaca	1980
ccaaacttca tttttttaaa aatctgtgt tccaaatgtg tataattttta aagtaatttc	2040
taaagcagtt tattataatg gtttgcctgc taaaaggta taattaaact tctttctct	2100
tctacatgg cacacagaaa tggcataatg taaaaggtaa accatcttct gtgtttatgg	2160
ccaaatctatt ctcaaagttt aaagttttt tggcataatg tcacagttcc ctttatttca	2220
cataagccca aactgataga cagtaacggt gtttagttt atactatatt tggctattt	2280
aattctttctt attttcacaa ttattaaattt gtttgcctgc taaaaggta taattaaactt taaaatgtt	2340
gaaattcttc atgaacataa ctctgcttca tggaaatggaa aatttttttt caaaaatgtt	2400
gttaatgtat actactggtg gttgatggt ttattttat gtagcttgac aattcagtgt	2460
cttaatatac attccatttg tattgtacat aaaattttctt agaaatacac ttttttccaa	2520
agtgtaaatg tggtaataga ttttagcatg atggaaactgt cataatggtg aatgtcaat	2580
ctgtgtaaaga aaacaaacta aatgttagttt tcacactaaa atttttttt caaaaatgtt	2640
aatcatttgc ctggcaaaat aaaacatgtt gaattccca aaaaaagaaa gggaggacgg	2700
gaggggagaa ggaaggaaagg	2720

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

tgctggaggg	cttacagcac	aatccccgc	tcagctggct	ggtagggccc	ttcgccttgc	960
ccgcgtgggg	gcagtagctg	taggagcctg	caggccccgc	gcgggggtgc	cctgcctgt	1020
ccaggggagga	gctgcctcag	aactttctcc	ccggggggaa	acctggatcg	gtccctaa	1080
gccttagacc	tttggggctg	cagctggctg	agccccgg	ggctggggag	gcagtgac	1140
tcttaactga	gccacccac	gcctgtcc	gggcctgc	gcatacttcca	ccttcctccc	1200
agcgctgcct	gcccctctcg	gagcctgggg	tcactcagac	caccagccaa	gagccttccc	1260
ttgaaggccs	caagcaagca	ctgcaattag	gaaagagaaa	aagcagcgtg	cccaagcctgg	1320
aagggcattt	gtttggcccg	ctagcaaccc	ttttatatct	agcagggtct	ttccagtcct	1380
gcagcacggg	cccccaagct	tcaggggtgc	aggcagtgt	gtggcatccc	aggtccggg	1440
cagctccgtt	ctcatgctga	aagtgggtct	ccggccttag	cacacacacc	ttgagggtct	1500
taagaaccac	attccctcat	agtagaaaat	actagaaaaaa	gcgacactgc	catcatcattc	1560
ccaaaggcagg	ctgtctactgc	cttgcgtgac	ccccgggggtg	gcctcacggt	ggggacaaag	1620
ctgcacggag	ccacacgc	cacagctggg	gcttgcacc	agcctgcctt	gagactgagc	1680
agtttgcagg	gggtgggggg	tgcaaaaaac	aagcaaacag	gctgctgctg	cctccagctg	1740
cccaccacag	gcctgcccc	ggcacctggg	gctctgaggc	ccctggggag	gctggggcca	1800
gcagctgccc	ctggagaaca	cagacaaagg	acttccccgc	agggaaactgt	gccttatgga	1860
gggatcagac	agggtctggg	acagccacag	aggctgcgtg	cctatggcac	agcccttcct	1920
ccgcccaca	ctccccctgg	gtcctcaggc	ccacccaags	gcggggctgc	agaggaagcg	1980
gggctgggg	ggctgcaggc	atcagagaca	ctgggtgtgg	cggaccggc	cgccggggccc	2040
cgtgtctca	ggctagccca	ggtcgtgag	gctggcaggc	tcaggtcggt	tgtgagacgt	2100
gccgtggctg	cgctcagtc	agcggggagg	agccgttca	ccggcctcc	ccaggaagcc	2160
atatccccac	tcaccccgta	agagaacctt	gtcgccccct	ttccatgctc	tcctaggaca	2220
cgagcccagg	aaccccagac	ccagggggag	gaagggtgga	ggggcccccag	gggtcaccat	2280
gtgcaccagg	ggccgtgagg	ggccggggca	ttcagctca	ctctgaaccg	gggaagctgg	2340
cacggcaagg	actgcctcag	gtgacgggccc	gtgagagggg	acgggtcagg	agccttcct	2400
agccttctcc	tcagccccac	acccatggcc	atcgaggt	aggatgccag	acacagccat	2460
ttgcagaaat	caggcacagt	gactgcagct	cacgtccagc	caaccaagca	tggggccgc	2520
gctcaggaag	tcccttcccc	ccacaccaca	gcctaattct	tactgggacg	gaggcaactc	2580
ggctacgctg	ggcaggacga	caaacacgag	acgcaactgt	ggaatgagca	acttcggagc	2640
acgggggtgac	ttgcttggg	ccgtgcccac	gtgacagccc	cttatgcaga	ggaggaaaga	2700
gaagccccga	gtgggggggg	aacctgtcca	aagtccacacg	gtgtgtgggt	gacacagctg	2760
gggtgagtctg	aggctggccc	ctgaggccca	tgctccctga	acgctggaga	ccactgtcgg	2820
ctagcagcgg	ctctcaggga	aggcctggc	tccacccctcc	cagcctagcc	tccgggaccc	2880
tcgtccctcc	cacatcgac	ctgctcacct	gcctggaccc	tgggctgcca	gatgcaggaa	2940
gcatcaaaacc	ccccagcc	gtgggtgcgg	ggcaggggcgc	aggcagcaca	gcttagatgc	3000
cctggtttgt	ccctttgtc	tcctggaaag	agcttgcctc	cgcccagctc	tcctgcccact	3060
ggcctttcag	gtttgggctg	ggcccagagt	gccttttagt	cgcttctcac	ggtggcctga	3120
tggctcaacc	cagtccaaa	cgggcccagt	gacactgccc	actgcacccc	agctcaggcc	3180
cccactgcac	cagcaatgt	agaaaaacca	gccaataaaa	gtgatttctt	ttttcattaa	3240
aaaaaaagaaa	aaaagagaca	gaggaagtag	atgctggccc	ggc		3283

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2720 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

atgctttca gacctcttcc	ccgctggcag ctctgccttg	gctggctgt cctggcacag	480
ctggctgtgg	gcagtgcctt cttcagcatt	gtgggtgccc tcttggcccc	540
agcactcgca	gctctgcctt gtgttagcctg	ggctactgtg tctggatgg ctcagcctt	600
gccaggcgtt	tgctgctagg gtgccatgcc	tcctggggcc acagactggg tgcaggccag	660
gtcccaggcc	tcaccctgggg gctcaactgtg	ggaatttggg gagtggctgc octactgaca	720
ctgcctgtca	ccctggccag tggtgcttct	ggggactct gcacccatgtat acagcacg	780
gagctgaagg	ctttgcaggc cacacacact	gtagctgtc ttgccatctt tgcactgttg	840
ccattgggtt	tgtttgagc caagggctg	aagaaggcat tggatggg gccaggcccc	900
tggatgaata	tcctgtgggc ctggtttatt	ttctgggtggc ctcatgggtt ggttcttagga	960
ctggatttcc	tggtgaggc caagctgtt	ctgtgtcaaa catgtctggc ccagcaggct	1020
ctggacctgc	tgctgaacct ggcagaagcc	ctggcaattt tgcactgtgt ggctacgccc	1080
ctgctcctcg	ccctattctg ccaccaggcc	acccgcaccc tcttgcctc tctgcccctc	1140
cctgaaggat	ggtcttctca tctggacacc	cttggaaagca aatccatgtt ctctccac	1200
ctgtcaacct	gaattaaagt ctacactgcc	tttgtaaaaaaa aaaaaaaaaa a	1251

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3283 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

ctggcctcag caccttccag aactggttac	ctagtacccc cgccacctcc	tgggggtggac	60
tcaccaggttc caggaccaca	gacaatggtg gggagcagac	tgccttgagc ccccaaggagg	120
ccccgttctc	tggcatctcc acgccccccgg	atgtgcttag tggggcccg gagcctgcct	180
gggaaggccgc	agccactacc aaggggcttg	cgactgacgt ggcgacgttc acccaagggg	240
ccgccccagg	caggaggac acggggcttt	tgaccaccac acacggcccc gaagaagccc	300
cacgcttggc	aatgctgca	aatgagttgg agggggctggg ggacatcttc caccatga	360
atgcggagga	gcaagctca	ctggctgcct cccagccccgg gccaaagggtg	420
aacaggggag	ctacttcgtt	ctgttaggtg acctgggtcc cagcttccgc cagcgggcat	480
ttgaacacgc	ggtgagccac	ctgcagcaca	540
agctccagga	ctgcttcagg	gtcattgaaa agggccagca ggctccagaa	600
gtctggacca	ggctcaggt	gccagtgccgg aggacgctgc	660
ccgggggttct	gtccagggtc	tgtcaggag	720
tggctccag	ctccaggcgc	gtcggccatgt	780
acagcctctg	ttagctctat	ggcattgtgg ctcagctgg	840
cagagcggct	ggtgcagagc	cgccagggtg	900

(A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

ggagatgcag	aggtaaaagt	gtgagcagt	agtttacttt	tcaaggcata	ttagcttcta	60
ttatagccac	atccctttga	aacaagataa	ctgagaattt	aaaaataaaaa	aaatacataa	120
gaccataaca	gccaacagg	ggcaggacca	ggactatagc	ccaggtcctc	tgataacccag	180
agcattacgt	gagccaggta	atgaggact	ggaaccagg	agaccgagcg	ctttctggaa	240
aagaggaggt	tcgaggtaga	gtttgaagga	ggtgagggat	gtgaatttgc	tgccagagaga	300
agcctgttt	gttggaaagg	ttggtgtgt	gagatgcaga	gttaaaagt	tgagcagtga	360
gttacagcga	gaggcagaga	aagaagagac	aggaggaaa	ggccatgt	gaagggacot	420
tgaagggtaa	agaagtttga	tattaaagga	gttaagagta	gcaagttcta	gagaagaggc	480
ttgtgtctgt	gccagggtga	gagctgtct	ggaaaatgt	acccagatcc	tcacaaccac	540
ctaattcagc	tgagggtgt	taagcctt	gctcacaaa	cctggcacaa	tggctaattc	600
ccagagtgt	aaaccttcta	agtataatg	gttgcgtt	tttgcataactt	aaaaaaaaaaa	660
aaaaaaagt	ggccgggtgc	ggtggctac	gcctgtata	ccagcactt	gggaggccaa	720
gtggggggga	tcacaagg	actagatgg				749

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1251 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: .

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

gtgaccccca	taggcctgag	gcttgtcag	gcagtggcg	tgggttaagg	cttcctgtat	60
ccccctgtcc	ctgcccagaa	cctgatggcc	ctcattatgc	cttggctt	atcttggaa	120
cacaggcgct	gacagccg	ccagccctc	tgtctgcgg	cctgaaccaa	acgggtgcac	180
ggggaaactgt	ctgcacagg	cggagtc	cctcaact	agaactcaag	tcaagctggac	240
ttcgaagatg	tatggaaat	tccatgtt	gtgaatgtt	ccttcccaga	tggagactat	300
gatgcacacc	tggaaagc	tgccctc	cactccgt	acctgtgg	tgactctgca	360
ctgccttct	tcatctcac	cagtgt	ggtatctag	ctagcagc	tgccttctt	420

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

gtggggccacc	cctaattcaact	attgcttcct	aaaggatattt	tcacccttctt	cgcctggtag	60
agccctcaca	gctttcaga	gcaagcactg	gactacaagg	gcatggctca	caaaaggta	120
atggatgggg	gttaccttagc	cctggctaat	tcccttcca	ttcccaactc	tctctcttt	180
tttgaagaaa	aatgctaagg	gcagccctgc	ctggccccc	catccccgc	tgtaaatata	240
cactatttt	gatagcacac	atggggcccc	cataatcttt	ggccttgggtt	ttgatgttga	300
aatcctggcc	ttgggagaga	tgccttccag	gcagacacag	ctgtctgggtt	caggccaagc	360
ccctttgcaa	tgcaagccct	ttctgggttt	atgaagtccc	tctatgtcgt	cgttttcacc	420
agcaactgg	gactgtccct	tcgacacgga	cctgcttga	gatttctga	caggaaaaag	480
atttctgtcc	atttttttcc	tgtgcctaac	agcataattt	ccttttctta	tgtaaatatt	540
atgatgggtt	atcaagacat	aagttaatga	gcctttctgc	ctcacatca	ccctgtgtat	600
aaagccat	ttctctgtat	cactgtttgc	cccagtaact	cactttaaaa	cctcttttc	660
cagtgttccc	tcttccttc	cagggccact	gcttgaagaa	aatatgtat	gtttctatct	720
tgtatgtctg	tgtgccttc	ctgccccgaa	agtgtctact	atggggaaat	cttttagctg	780
ctgtttttag	actccaagga	gtggaaatta	tgttgaagaa	gcaaacctga	tacaatttgc	840
ccaaggtaaa	cagtttggaa	agacaaatgg	gcctgcctaa	ctgtacagtt	tcttccccaa	900
gagctgttag	gtatcaaaat	gttgccttt	ccccctccg	tgctttctg	gtttagatca	960
tgtcattgtat	gaactgccaa	agtcagggga	ggaggggcaga	gactttgtgt	ttacatctgc	1020
atttctacat	gttttagaca	gagacaattt	aaggcctgca	cttttatttc	actaaagaaa	1080
aactaatgtc	agcacatgtt	gctaatgaca	gtggattttt	ttttaataaa	aaaagttac	1140
agatcaaata	tgaaataaaat	atgaatggag	tggcctctt	gtctgttac	ttagtttca	1200
aaagctttaa	gactctggga	acatctgatt	ttatgg			1236

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 749 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

gaagaagaga	aaaaagaggt	gatgcttcag	aatggagaga	cccccaagga	cctgaatgat	60
gagaaacaga	agaaaaat	taaacaacgt	ttcatgttta	acattgcaga	tggtggttt	120
actgagttgc	actccctttg	gcagaatgaa	gagcggcag	ccacagttac	caagaagact	180
tatgagatot	ggcatcgacg	gcatgactac	tggctgctag	ccggcattat	aaaccatggc	240
tatgcccgt	ggcaagacat	ccagaatgac	ccacgctatg	ccatcctcaa	tgagccttgc	300
aagggtgaaa	tgaaccgtgg	caatttctta	gagatcaaga	ataaatttct	agctcgaagg	360
tttaagctt	tagaacaagc	tctggtgatt	gaggaacagc	tgcgccccgc	tgcttacttg	420
aacatgttag	aagacccttc	tcacccttcc	atggccctca	acaccggctt	tgctgaggtg	480
gagtgtttgg	cggaaaagtca	tcagcacctg	tccaaagggt	caatggcagg	aaacaagcca	540
gccaatgcag	tcctgcacaa	agttctgaaa	cagctggaaag	aactgctgag	tgacatgaaa	600
gctgatgtga	ctcgactccc	agtaccatt	gcccgaattc	ccccagttgc	tgtgaggtta	660
cagatgttag	agcgttaacat	tctcagccgc	ctggcaaaacc	gggcacccga	acctacccca	720
cagcaggtag	cccaagcagca	gtgaagatgc	agactgatac	caccccccacc	gctgagcagt	780
gacccctc	actttctctt	gtcccagctt	ctccctggg	ggcctgagag	accctcacct	840
tccttctgcc	catcttccat	gttgtaaagg	aacagccccca	gtgcactggg	ggagggggagg	900
gagtgagggg	cagtggtgcc	ttcctgcag	aagagacatg	cagcaatgc	gctggcgcca	960
tctgcaggag	ctggcggtt	ggccttcgg	accctggctt	ctcccccactg	taacgcctgt	1020
tacacacaaa	ctgtgtggg	ttcctgccag	gcttgaagaa	aatgatctga	attttttctt	1080
ccttttgggt	ttattttgg	gttttatttt	gtttttctt	ttctcctttt	tggggggat	1140
tcagagttgg	ctgggccccct	gggcgagaca	cagctaccc	tgttggcattc	tttttaatac	1200
caggaaccca	gcccgtctag	ccactgagcg	gctaaatgaa	ataaagtgg	aaaaaaaaaaa	1260
aaggaaaaaa	ccaaaagcat	aaaaaaccac	agcaaatttc	ttgatgaaaa	ttgaaaataa	1320
aagtttcctt	gtatttaaa	aaggaaaaaa	gaaggaaaaaa	aaggagaggg	aaaaagggag	1380
gggggagagg	agt					1393

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1236 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

acagagctgg caaaggacga tgcggcgcca gcaccccaag tcgcagacgc caaagcccag	240
gatacggatgt tcgagggaga actggcaat gaggagagct tggatagaaa tgaggaggc	300
ttggatagaa atgaggaggg ctggataga aatgaggaga gcttggatag aaatgaggag	360
ggcttggata gaaatgagga gattaagcgg gctgccttcc agataatctc ccaagtgatc	420
tcagaagcaa ccgaacaggt gctggccacc acggttggca aggttgcagg tcgtgtgt	480
caggccagtc agctccaagg gcagaaggaa gagagctgtg tcccagttca ccagaaaact	540
gtcttggggc cagacactgc ggacctgcca cagcagggc agctgttgcc cgcggatg	600
ctggcctccc cttgccaggc ctaccagcag agggctcacc accaccaaag acctacgtga	660
gctgcctgaa gaggcttctg tccagcccc ccaaggacag taagccaaat atctctgcac	720
accacatctc cctggcctcc tgcctggcac tgaccacccc cagtgaagag ttgcggacc	780
gggcaggcat cctgggtgaa gatgccacct gtgtcacctg catgtcagac agcagccaa	840
gtgtccctt ggtggcttct ccaggacact gctcagattc tttcagcact tcagggcttg	900
aagactcttgc cacagagacc agctcgagcc ccaggacaa ggccatcacc cgcactgc	960
cagaaagtac tgcgtccattt agcaatgggg tgctgaaggg ggagttgtca gacttgggg	1020
ctgaggatgg atggaccatg gatgcggaaag cagatcattc aggaggttct gacaggaaca	1080
gcatggatc cgtggatagc tgcgtcagtc tcaagaagac tgagagcttc caaaatgccc	1140
aggcaggctc caaccctaag aagtcgacc tcatcatctg ggagatcgag gtgcggaaagc	1200
acttagtcgg tcggctaattt ggcaagcagg ggcgtatgt gagtttctg aagcaacat	1260
ctgggtccaa gatctacatt tcaaccctgc cttacaccca gagcgtccag atctgccaca	1320
tagaaggctc tcaacatcat gtagacaaag cgctgaactt gattggaaag aagttcaaag	1380
agctgaacct caccaataatc tacgctcccc cattgccttc actggactg cttctctgc	1440
cgatgacatc ctggctcatg ctgcctgtatg gcatcaccgt ggaggtcatt gtggcaacc	1500
aggtcaatgc cgggcacctg ttctgtcagc agcacacaca ccctaccttc cacgcgtgc	1560
gcagcctcga ccagcagatg tacctctgtt actctcagcc tggaaatcccc accttgcaca	1620
ccccagtgaa aataacggtc atctgtgcgg cccctggcgg ggacggggcc tggggcggag	1680
cccaagtggt tgcctcctac gaggagacca acgaagtggaa gattcgatac gtggactacg	1740
gcggatataa gagggtgaaa gtagacgtgc tccggcaaat caggtctgac tttgtcaccc	1800
tgccgtttca gggagcagaa gtccttctgg acagtgtgat gcccctgtca gacgatgacc	1860
agttttcacc ggaagcagat gccgcccattt gctgttccat gagatctttt ttttgcactg	1920
ctcaggtgac aagttacagt ccaactggtc ttctctgtat tcagctgtgg agtgtgg	1980
gagatgaagt ggtgttgata aaccggtccc tggggagcg aggcccttgc cagtggtag	2040
acagctacta cacaaggcattt tgaccccccattt gctgttccat gagatctttt ttttgcactg	2100
ttgaaatttgg gcttggactt caagtcaaag atgaacatcg gaataacaaa cattgtccctc	2160
tccagaaaatc ctttcttcc tccataactgt agtccttattt agaagacatt tcgtctgt	2220
gaaaaaaatggaa tggaaactatg gtttcttcc gcaaagccaa aggatagtgt ttaacaagcc	2280
agctggctta tcctggttct cagctgtttc aaccagattt tcctattttcc cctgttccat	2340
tccctcttc ttccttctat tcccttcccc gcaaaaacc aaacaaactg gcagacaggc	2400
cagggatgta tgggtctgc ttggaggggt ttctttact tcaaaatctt ttttcaaggaa	2460
gcaagacatg aactgactaa ttggtatcca ctactgtac agtttacata aatgagttga	2520
tgtatatttaa ccagtttttta taaacttcat ttaggtcttca aacacagatc ttttttaaattt	2580
gcaactgtaa atatgaaatg gtcatcacat ctgaccccttgc tcaatggggaa gggggactgg	2640
tatccctgcca agcctgggtt gtaattttgtaa ccatttttca tttgtcaaa ctctgttaat	2700
atgtgtttaa acaaataatgaa tattttgtac aagataacact ggagaacaaa gggaaactcaa	2760
gattcttcca gccacatgtc acctgttaggt aagatgaaac tctgcgtgc agtttctgt	2820
cttggccctt ctggccagggg cccctgtggc ttctgcaca ctggacagggt gactgtatgg	2880
tagagactgt gatctggaa cttttgtctg tacaatctt tttttttttt aaggttgcgt	2940
atatttaacc agtttttata aacttcattt agtctcttca acacagactt tttttttttt	3000
caactgtaaa tatgaaatgg tcatcacat tggatgttgc tggatgttgc tggatgttgc	3060
atcctgcca gcttgggtt gttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt	3120
tgtgtttaa caaatgtat atttttgtaca agataacact gagaacaaa ggaactcaag	3180
attttttccat ccacatgtca cctgttaggtt gaaatgttgc tggatgttgc tggatgttgc	3240
ttggccctt tggccagggg cccctgtggc ttctgcaca tggacagggt gactgtatgt	3300
agagactgtg atctggaaac tttttgtctg aaaaaatgtt aacttgcattt ttaacttgc	3360
gtgggtgttt tgattttttt ttagactggc tttagactggc tttagactggc tttagactggc	3411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1393 Basenpaare

aatgagaats ttgttagaaaa	tggtgcagac tccgatgaag atgataacag	cttcctcaaa	1260
caacaatctc cacaagaacc	caagtctctg aatggtcga	gtttttaga caacacctt	1320
gctgaagaat tcactactca	gaatcagaaa tcccaggatg	tggactctg ggagggagaa	1380
gtggtaaaag agctctctgt	ggaagaacag ataaagagaa	atcggttata tgatgaggat	1440
gaggatgaag agtgacaaat	tgcaatgatg ctgggcctt	aattcatgtt agtgttagcg	1500
agccactgcc ctttgtcaaa	atgtgatgca cataaggcagg	tatcccagca taaaatgtaa	1560
tttacttsga agtaactttg	gaaaagaatt ccttcttaaa	atcaaaaaca aaacaaaaaa	1620
acacaaaaaa cacattctaa	atactagaga taactttact	taaattcttc atttttagcag	1680
tgatgatatg cataagtgt	gtaaggctt	taactggga aatattccac	1740
cccagattct actgtattcc	caaaaggcaa tattaaggta	gatacatgt tagtagtata	1800
ttgttacaca ctattttgg	attagagaac atacagaagg	aatttagggg cttaaacatt	1860
acgactgaat gcactttgt	ataaaaggca cagtttgtat	atttttaat gaataccaaat	1920
ttaattttt agtatttacc	tgtaagaga ttatttagtc	tttaaatttt ttaggttaat	1980
tttcttgctg tgatataat	gaggaattt	ctactttatg tcctgctctc taaaactacat	2040
cctgaactcg acgtcctgag	gtataataca acagagcact	ttttgaggca attaaaaac	2100
caacctacac tcttcgggtc	tttagagagat ctgctgtctc	ccaaataaagc ttttgatct	2160
gccagtgaat ttactgtact	ccaaatgatt gcttctttt	ctggtgatat ctgtgcttct	2220
cataattact gaaagctgca	atattttatg aatacctcg	ggatcaactgt ccccatctt	2280
ccgtgttaga gcaaagtgaa	gagtttaaag gaggagaag	aaagaactgt cttacaccac	2340
ttgagcttag acctctaaac	cctgtatttc ctttatgtat	tcccctttt gagacactaa	2400
tttttaataa cttaactagct	ctgaaatata ttgattttt	tcacagtatt ctcagggtga	2460
aattaaacca actataggcc	tttttcttgg gatgattttc	tagtcttaag gtttggggac	2520
attataaaact tgagtacatt	tggtgtacac agttgatatt	ccaaattgtt tggatgggag	2580
ggagaggtgt cttaagctgt	aggctttct ttgtactgca	ttttagataga tttagcttta	2640
atattttta gagatgtaaa	acattctgt ttcttagtct	taccttagtct gaaacatttt	2700
tattcaataa agattttaat	aaaatttga aaaaaaaagga	aaggggaggg ggggtggagg	2760
aaaaaaaaaa gggccggccgc	cgc		2783

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 3411 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

gaagctctgt tgcgtcgaaa	acatgtcttg	gaattggaga acagcaaggg	ccccagcctg	60
gcctctttat	agggggaaaga	agataagggg	aagagcagct	120
gtgcaggagg	aagagtatgt	agcaagagaag	ttggccaaatgt	180

gctgtttgga	aaaaagctgt	acaacctgta	tgccaggaag	tcaccaactg	atgaccacc	480
agcctaattct	ggcccacaaac	catgttctgt	tcggtccatg	ttcttatttaa	aagcatctg	540
aattggttgc	catcatttaa	actcaatcag	actttgaagg	catggtccag	ccacacaggg	600
cctacattcc	cacatggcaa	ctatgaaagg	gctccagccc	agcaggggct	gtcccgggtcc	660
ctgccacccc	cacttcctgt	gcctcagatc	tggcccctgt	tacgtaagat	aaggacagct	720
acaggtccct	ctgagcctaa	acccaccta	ccggacta	atgggtgaag	atcttagctt	780
acaaagctct	ttcacataca	tctatcttt	tattctcata	gtccacagat	aactgactat	840
ttggttctta	ccatcaggcc	aaacggtaa	ttccctcaga	acagggcctc	ctgctttatc	900
ccaagaagt	ataatgtagg	tacccaagat	cca			933

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2783 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

gactttaaaa	aaatttttac	agttatttt	atttttaga	atgagctgaa	agccagtgg	60
ggcgaaatca	aaattcataa	aatggagcaa	aaggagaatg	tgcccccagg	tcctgagg	120
tgcacccatccc	atcaaggaagg	ggaaaaagatt	tctgcaa	atggatgcct	ggcagtccgt	180
tccacccctg	ccgaagatga	ctcccgtgac	tcccaggtta	agagtggaggt	tcaacagcct	240
gtccatccca	agccactaag	tccagattcc	agagcctcca	gtcttctga	aagttctcct	300
cccaaagcaa	tgaagaagtt	tcaggcacct	gcaagagaga	cctgcgtgga	atgtcagaag	360
acagtctatac	caatggagcg	tctttggcc	aaccagcagg	tgtttcacat	cagctgctc	420
cgttgcct	attgcaacaa	caaactcagt	ctaggaacat	atgcatttt	acatggaa	480
atctatttga	agccactt	caatcaact	tttaatcta	agggcaacta	tgtgaaggc	540
tttgggcaca	gaccacacaa	ggatctatgg	gcaagaaaaa	atgaaaacga	agagattttg	600
gagagaccag	cccaagttgc	aatgcagg	gagacccttc	acagcccagg	ggtagaagat	660
gcccatttgc	ctaaagggggg	tgtcttgg	gcaagtatgg	aagccaaaggc	ctcctctc	720
caggagaagg	aagacaagcc	agctgaaacc	aagaagctga	ggatcgctg	gccacccccc	780
actgaacttg	gaagttcagg	aagtgcctt	gaggaaggga	tcaaaatgtc	aaagccaaa	840
tggcctctg	aagacgaaat	cagcaagccc	gaagttcctg	aggatgtcga	tctagatctg	900
aagaagctaa	gacgatcttgc	ttcactgaag	gaaagaagcc	gcccattcac	tgtagcagct	960
tcatttcaaa	gcacctctgt	caagagccca	aaaaactgtgt	ccccacctat	caggaaaggc	1020
tggagcatgt	cagagcagag	tgaagagtct	gtgggtggaa	gagttgcaga	aaggaaacaa	1080
gtggaaaatg	ccaaaggttc	taagaagaat	ggaaatgtgg	aaaaaacaac	ctggcaaaac	1140
aaagaatcta	aaggagagac	agggaaagaga	agtaaggaag	gtcatagttt	ggagatggag	1200

tggcaaaaag	aaatgaactc	ttttccctca	ccttcgtccc	ttcttcttacc	ttttcagtga	2160
aattccagca	tgcaagctca	gaaccacac	attactctct	gtgcctaatg	ttccctcaatg	2220
tgggtgattt	tttttttttt	ttaatttata	gagcatttcg	gggggggggtgg	gggaaacaca	2280
cctaaacact	ttatctccaa	gttacaaaag	tttggaggtgc	agagggaaagg	ccagattttt	2340
tttttaatga	aattatata	tagatatctc	agtatttaaa	ctgttcctca	attttgtgag	2400
gctgtgttgg	aaataaaccg	cctctagtgc	tgttggatg	caaggcagcg	gtgccttaatc	2460
aatatttcct	gtgctcacca	gaggcaaaat	gtaccaat	cctgacacca	ttctctctcc	2520
atttacttct	ggtgggtacc	ctgactcttg	actcttagaa	gtgcccggaga	tggggctaaac	2580
citttattaaa	cagatcgc	attatgatct	tgctgcagcc	acagtgcagc	tccacattaa	2640
ctctacagac	caaaccattt	gtatctggca	tcacttacta	acacacgaca	tgccgctttt	2700
ctgcatcaac	tgctatgacg	gttaagaatg	tca	agaaggaata	aaaaactgtat	2760
actgttttaa	ataatctgt	atttcaattt	ttttttttt	gctgaaatac	attatattgt	2820
acgtttgaga	taattctagt	acaaagtata	ataaaactag	atgtataata	aaccctttaa	2880
atcattggta	agtgtacaag	tggtggact	gaagcattt	ctggacaaag	taatgttaact	2940
ctaatggta	cttgctcgt	cggtggccaca	ctgtgttata	atttgc	tttccttgc	3000
atttgataca	tagtgtgc	ttctctgtca	ctgtaactat	tgtatgaca	aattttcattc	3060
ttactgcaca	atcaaaatga	cattgatagg	aatgaactcc	agaggctggg	cctgaacagg	3120
gaggtggcgt	ctcaggcctg	gtgctcagtc	gtacgacctg	tacctctcaa	cttttgcct	3180
atctgttaaa	tatatgtat	gtcattaaat	gtttttaaat	ctaaaaaaa	aaaaagttgt	3240
tgttcttcct	ctgctgcgt	tgcattggcc	gtaggaaac	tgcaaaagggg	agaaatgaca	3300
aacaagaaac	attttacaac	cagtctggc	tcactttgc	atttttatg	catgtctgt	3360
gcacaagc	tgaaaactac	agcaaacagt	aataaatgt	actgtttgt	agttataaga	3420
gagaaaaaaa	agaaaaaaa	gaaaaaaa	agaaagaaaa	aagaagagga	ggagagaac	3479

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 933 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

gtctccctcc	tccttttttt	tacattttag	tcttagcatt	tactttcccc	accccacatt	60
cttggaaacag	ccttttagtcc	tacagggaaat	ggcactgatg	gacagaagac	tagcattacc	120
ttcatgaaag	ggctgttaga	gttgcctggg	aagaaggcgt	gccttgggga	actggaaaga	180
tgccgtca	gtgggtgggc	aggaggacag	ccagtcgtcc	tgctgccagc	ccaatagctt	240
ccagcggcag	gtggccagg	gttacccggag	ccctctatag	gggttagggc	aggactgca	300
ccttcctcc	gactcata	taagccct	gttactc	atggggcttgc	accattatca	360
cacaggtggg	gggtttggga	cctggggctg	cccccaggtc	cggtttaggg	ggaaagaagt	420

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

ccaggagaca	ccttcggccc	agatggagg	cttcctcaat	cggaaacacg	agtgggaggc	60
ccacaataag	aaagcctcaa	gcaggcctg	gcacaatgtt	tattgtgtca	taaataacca	120
agaaatgggt	ttctacaaag	atgcaaagac	tgcgtctct	gaaatccct	accacagcga	180
ggtcctgtg	agtttggaaag	aagctgtctg	cgaagtgccc	cttgattaca	aaaagaagaa	240
acacgtattc	aagctaagac	taaatgatgg	caatgagta	ctcttccaag	ccaaagacaa	300
agagaagcgg	ttcagcctt	ttggcaaaaa	gaaatgaact	ccttccttc	acctcctgcc	360
cttctcttac	cttttcagtc	aaactccagc	acgcaagctc	attgacacaa	gaacacagat	420
tcttgcgcgt	tcctatgaac	tgcacaagtt	ttaccacat	gccaaggaga	tcttggcg	480
tatacaggac	aaacacaaga	aactccctga	ggagcttggg	agagatcaga	acacagtgga	540
gaccttacag	agaatgcaca	ctacattga	gcatgacatc	caggctctgg	gcacacaggt	600
gaggcagctg	caggaggatg	cagccgcct	ccaggcggcc	tatgcgggtg	acaaggccga	660
cgatatccag	aagcgcgaga	acgaggtctt	ggaagcctgg	aagtccctcc	tggacgcctg	720
tgagagccgc	agggtgcggc	tggtggacac	aggggacaag	ttccgccttc	ttagcatgtt	780
gcccgcaccc	atgcctgtga	tggaggatgt	catccggca	atcgaggccc	aggagaagcc	840
aagggatgt	tcatctgttg	aactcttaat	gaataatcat	caaggcatca	aagctgaat	900
tgtatgcacgt	aatgacagtt	tcacaacctg	cattgaactt	ggaaatccc	tgttggcgag	960
aaaacactat	gcatctgagg	agatcaagga	aaaattactg	cagttgacgg	aaaagaggaa	1020
agaaatgatc	gacaagtggg	aagaccatg	ggaatggta	agactgattc	tggaggtcca	1080
tcagttctca	agagacgcca	gtgtggccga	ggcctggctg	cttggacagg	agccgtaccc	1140
atccagccga	gagataggcc	agagcgtgg	cgaggtggag	aagctcatca	agcgcacca	1200
ggcatttcaa	aagtctgcag	caacctggga	tgagaggttc	tctgccttgg	aaaggctgac	1260
tacattggag	ttactggaaag	tgcgcagaca	gcaagaggaa	gaggagagga	agaggcggcc	1320
gccttctccc	gagccgagca	cgaaggttt	agaggaagcc	gagtcccagc	agcagtggga	1380
tacttcaaaa	ggagaacaag	tttcccaaaa	cggtttgcca	gctgaacagg	gatctccacg	1440
gatggcagaa	acgtgtggaca	caagcgaat	ggtcaacggc	gctacagaac	aaaggacgag	1500
ctctaaagag	tccagcccc	tccctcccc	gacctctgtat	cgtaaagcca	agactgccc	1560
cccagccca	agtgcgcaca	ccttaccagc	cagaacccag	gagacaccc	ccgcggcagat	1620
ggaaggcttc	ctcaatcgga	aacacgagt	ggaggcccac	aataagaaag	cctcaagcag	1680
gtcctggcac	aatgtttatt	gtgtcataaa	taaccaagaa	atgggttttc	acaaagatgc	1740
aaagactgt	gcttctggaa	ttcccttacca	cagcgagggt	cctgtgagtt	tgaaagaagc	1800
tgttctggaa	gtggccctt	attacaaaaa	gaaagaaacac	gttattcaagc	taagactaaa	1860
tgtatggcaat	gagttacctt	tccaagccaa	agacgatgag	gaaatgaaca	catggatcca	1920
ggctatctct	tccgcacatc	ccttgcataa	acacgagggt	tctgcacagc	cccagagcac	1980
gccagccatc	agccgcgcgc	agaccctcc	caccagcgtc	gtcaccatca	ccagcgagtc	2040
cagtcggcgc	aagcgggaaa	aggacaaaga	gaaagacaaa	gagaagcggt	tcaagctttt	2100

- (A) LÄNGE: 1768 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

ctccgaggcc	aggaacgctc	cgtctggAAC	ggcgcagact	tttgccatgg	gcttcatgac	60
gggcaccatt	tccagtatgt	accaaaccAA	agccgtcato	attgcaatga	tcatcaactgc	120
ggtgttatcc	atttcagtca	ccatcttctg	ctttcagacc	aaggtggact	tcacctcg	180
cacaggcctc	ttctgtgtcc	tggaaattgt	gctctgggt	actgggattg	tcactagcat	240
tgtgtctac	ttccaatacg	tttactggct	ccacatgctc	tatgtctgc	tggggccat	300
ttgtttcacc	ctgttcctgg	cttacgacac	acagctggtc	ctggggaaacc	ggaagcacac	360
catcagcccc	gaggactaca	tcactggcgc	cctgcagatt	tacacagaca	tcatctacat	420
cttcacac	gtgtgcgc	tgtatgggg	tgcgaattaa	ggagcaagcc	cccatttca	480
cccgatcc	ggctctccct	tccaaagctag	agggtgggc	cctatgactg	tggctctggc	540
tttagggccc	tttccttccc	cttgagtaac	atgcccagtt	tccttctgt	cctggagaca	600
gttggcctc	ctggctatgg	atgtgtgggt	acttgggtgg	gacggaggag	ctagggacta	660
actgttgc	ttgggtggct	tggcaggag	taggctgaag	atgtgtcttc	tccccggccac	720
ctactgtatg	acaccacatt	cttcctaaca	gctggggttg	tgaggaatat	gaaaagagcc	780
tattcgatag	ctagaaggga	atataaagg	tagaagtgac	ttcaaggtca	cggagttccc	840
ctccccaccc	tgtcacagc	ttcttgacta	cgttagttga	gctattctt	cccccagcaa	900
agccagagag	ctttgtcccc	ggcctcctgg	acacatagc	cattatctg	tattcctt	960
gcttggc	ttttagctca	ggaaggtaga	agagatctgt	gcccatgggt	ctccttgc	1020
caatccctc	ttgtttcagt	gacatatgt	ttgtttatct	gggttagg	tggggacag	1080
ataatagaac	gagcaaagta	acctatacag	gccagcatgg	aacagcatct	cccctggct	1140
tgctcctggc	ttgtgacgct	ataagacaga	gcaggccaca	tgtggccatc	tgtccccat	1200
tcttgaaagc	tgctggggcc	tccttgcagg	cttctggatc	tctggcaga	gtgaactctt	1260
gcttcctgta	ttcaaggcagc	tcagagcaga	aagtaagggg	cagagtcatc	cgtgtggcca	1320
ggaagttagcc	agggtgaaga	gagactcggt	gcggggcaggg	agaatgcctg	ggggccctc	1380
acctggctag	ggagataccg	aagcctactg	tggtaactgaa	gacttctggg	ttctttctt	1440
ctgctaacc	agggagggtc	ctaagaggaa	ggtgacttct	ctctgtttgt	cttaagtgc	1500
actggggat	ttctgacttg	aggcccacat	ctccagccag	ccactgc	ctttgtata	1560
ttaagtgcct	tgagctggaa	tgggaaggg	ggacaagggt	cagtctgtcg	gttggggca	1620
gaaatcaa	cagcccaagg	atatagttag	gattaattac	ttaatagaga	aatcctaact	1680
atatcacaca	aaggataca	actataaattg	taataaaatt	tatgtctaga	gtttaaaaaaa	1740
aaaaaaaaaa	gtaaaattaa	tttgtgtt				1768

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29 :

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1416 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

tttttaaaca aatagttaa ttaccaaatt tgaattctaa ggaattacac atttaaagaa	60
ataacataaa aaggccctac tagtctaaaa aagttttgga gacttttag tgaaatgtca	120
tttcaggcct agtggtccga atctgccccca cctgcgggtc catgcgatgc cctgctgagg	180
tctgtgaaca cagctcatga gaaaccacgg aatggcccg aatgtgctta cgtgtgaaaa	240
tactgatact gtgattcaac agagctgttt tcaagccag gatcagaat gaggataact	300
aatgaaatga cggccttaa ggttgtgct ttgaagtca agtcattcag tttgtgatta	360
gtgtttaaaa ccctgaaaat atttaataca gaataaaaaac aataagctca aagtagatgt	420
ttcactataa tagacaccat attcatgaac ctgggtttgg tttggcaac acataatttt	480
tggtttagaa gtgaaacaatg aaaacgatg ttcacattc aatatcctag tctttaaaaa	540
cctatgttaa aggacagcac agtcttcaa agaagaaaa ctatgtaaac tttattttaa	600
cagtggaaatg taaactaaac cttgatctgc ctaattgctc acatctatat atatatatta	660
gtaatttata tagatgtcag caattaggca gatcaaggtt tagtttaact tccactgtta	720
aaataaaagct tacatagtt tcttcctttaa aagactgtg ctgtcctta acataggtt	780
ttaaagacta ggttattgaa tggaaacat ccgtttcat ttttcaattc taaaccaaaa	840
attatgtgtt gccaaaacca aaccagggtt catgaatatgt gtgtctatta tagtggaaa	900
tgtactttga gcttattgtt tttattctgt attaaatatt ttcagggtt taaacactaa	960
tcacaaactg aatgacttga cttcaaaagc aacaacctta aaggccgtca tttcattttt	1020
attccctcatt ctgcattcctg gcttggaaaaa cagctctgtt gaatcacagt atcagtttt	1080
tcacacgtaa gcacattcgg gccattccg tggttctca tgagctgtgt tcacagacct	1140
cagcaggggca tcgcatggac cgcaggaggc cagattcggg ccactaggcc tgaaatgaca	1200
tttcaactaaa agtctccaaa acatttctaa gactactaaag gcctttatg taatttcttt	1260
aaatgtgtat ttcttaagaa ttcaaatttg taataaaaact atttgataaa aaattaagct	1320
tttatttaatt tggctgtt attgcacacag acgcattaaa agaaacttac tgcacaagct	1380
gctaataaaat ttgttaagctt tgcataacattt aaaaaaa	1416

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

```
gtattgraca ctgacgcgtc cccactcttg tacagctgtt ttgtttttttt gcaatgcatt 2463
gtatggcttt ataaaatgata aagttaaaga aaactcaaaa aaaaaaaaaaa aaaaaaaa 2517
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26 :

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1668 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

gtatgccttc agaatcacgca caactgttgc atgtaacatg gatctgtcta aataccccat 60
ggcacacacag acatgcaagt tgcaagcttggaa aactggggct atgatggaaa tgatgtggag 120
ttcacctggc tgagagggaa cgactctgtg cgtggactgg aacacctgcg gcttgcctag 180
tacaccatag agcggtattt caccttagtc accagatcgc agcaggagac aggaaattac 240
actagattgg tcttacagtt tgagcttcgg aggaatgttc tgtatttcat tttggaaacc 300
tacgttcctt ccactttcctt ggtgggttt tcctgggtt cattttggat ctctctcgat 360
tcagtcctt caagaacacgtt cattggggac aacaaggaa gtagaagaag tcagtattac 420
taatatcatc aacagctcca tctccagctt taaacggaaat atcagctttg ccagcatgaa 480
aatttccagc gacaacacgtt actacagtga cttgacaatg aaaaccacgca acaagttcaa 540
gtttgtcttc cgagaaaaga tgggcaggat tggatttgcattt ttcacaattt aaaaccccaag 600
taatgttcatc cactatgttca aactactgtt tcctttgatttt tttatgttag ccaatgttatt 660
ttactggcata tactacatgt atttttgagt caatgttaaa ttcttgcattt gccataggtt 720
ttcaacacgga caagataatgg atgtaaatgg tatttttaggc caagtgtaa cccacatcca 780
atgggtcttcc aagtgtactga aataatattt gagtctttct gctcaaaagaa tgaagctcca 840
accattgttcc taagctgtt agaagtccta gcattatagg atcttgcattt agaaaacatca 900
gtccatctt ctttcatctt aatcaaggac attcccatgg agcccaagat tacaatgtt 960
ctcagggtgtt ttatgttgcattt ggctccctgg ttgcatttgcattt ccttataaa agaatggaa 1020
ggagacccattt ggttaaccctt caagtgtcag aagtgttttca taaagtaactt atacatgttt 1080
tttactaaat ttctgcgttgc ttatataaaat acattgttgc ctatttaggg agtaacattttt 1140
tctatgtttt gtttctgggtt aaaatggaaat atgggtttat gtcatttgcattt tggaaatgtt 1200
tgcactaactt caataccaaatgatgatgtttttaaaatgttgcattt tttttttttt tccccacacaca 1260
gaattatccc caatttccaaatgatgatgtttttaaaatgttgcattt tttttttttt tccccacacaca 1320
aatttagtaga tcaacaatctt aaacaaatcc ttctgggttca tttttttttt tccccacacaca 1380
actggaaagga ttctgttgcattt tttttttttt tttttttttt tccccacacaca 1440
acacacatcc atcttgcattt tttttttttt tttttttttt tccccacacaca 1500
atttttttttt aacttgcattt tttttttttt tttttttttt tccccacacaca 1560
attgatgttca ttctgttgcattt tttttttttt tttttttttt tccccacacaca 1620
tttgcatttgcattt tttttttttt tttttttttt tccccacacaca 1668

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

cagagtgaaa	ccttgtgcct	ggtgacccaaa	gtccctccaa	agtgccttcc	cttctgggtt	60
attcaagcca	aatatctggg	tttccccctc	tcctcattcc	ctagcaaacc	ccaattatct	120
tccaagatag	gagatattcc	ccatccccct	cccttgtaaa	tatctcatct	cccaactggag	180
agcccgaggag	cctattcctg	gcatggatgt	tctgtccaca	cttgaggctg	gcccgggttat	240
cagacccttc	aagcagcctg	gctggggccc	aggactgagt	ctggggtcag	ctttcacgtt	300
cgcttccccc	ttcgtcacca	cccaccacag	cccacccctgc	atgcatggcc	agccccctcca	360
ctccagcctg	agccatgtgt	gccccctgcgg	gaggacccat	tcatgccaga	aagctggtaa	420
ctccctccca	gcatccctgc	ggaaggagtc	agtttctgag	agtgtgactt	ttcaaggcga	480
atgatggggaa	agggttcccc	agtccccaca	gtggcccccac	ctctggggcc	tgcaccagag	540
cccttctgtg	tcacggcggg	ctgtgcaccc	atgcacacac	ctacgcacac	acaacactcc	600
gcactgcagt	atatttttgc	caaagatttc	ctttaaaaagg	aagcactttt	actaattatt	660
attttgtaaa	tgtttatctt	cttctgtctt	ctccctccct	gaatctattt	tactgttgtt	720
tattttgtaa	tctgtgtgtc	agccaggaga	gcgcgtctg	gccttgaaca	tgggctggga	780
tgggaaagggg	tctgggagaa	gatggcaac	aaagagccag	ggagtcatgg	acatcgcagc	840
gacgcagacc	ccagcagggtt	cagtccctgt	ctgccaccag	ctgtccagct	gggtgtctgg	900
agggaaagagg	gcagaggagg	gtcatgtccc	ttcagctggg	ggagggggccc	agtgagctcc	960
acgtggctt	ttcccaaagg	gagcaagagg	gaaggattgg	gcgaaaaaac	aatggagagg	1020
ggacctgcga	aggaaaacag	ggaggaagtg	acgggtttga	tcagcctgct	atcacggtgt	1080
tctggcttc	ttattnaqcc	aggcgtttaa	gggacagata	catcacatcc	taagtttggg	1140
aaaggcttt	gaccatgtc	atctgagcgt	ctcctccagt	agctctgaaa	gctgtggaca	1200
ccaatggcca	ggatcccttc	tcccctgggt	ttttaggatcc	cctgggtctt	ctgagactgg	1260
ccaggagagg	gatgggtgggg	ccagtgggt	tgtgaaqca	ggaggggcag	ccctccctgga	1320
caagtgtat	ccccctataa	acggctctca	ggaggttagt	gagtaggaga	ttctgccttg	1380
ttctgtatag	cctgtgcagg	ggctccagg	gagcatgtg	tccagggggc	acagaagggt	1440
ggtgagtgt	atcaaatact	gtctcactcc	cactttttag	tctcactct	acttttgtcc	1500
accacccctg	cctctggat	cttctccac	ttttttttc	agctttagga	cctggggaga	1560
tcctgttagt	caaggcagac	acccaatct	gcccccacac	tcgggtctt	ccaagaggtt	1620
ggggggcaga	gtcccagago	agccctttac	cccaagggtcca	ggccctggaa	tcctgagact	1680
cgcgtttctt	tggccagtgg	taacacagga	cgtgtgtcg	catgtcaag	tgtggatgt	1740
tgtgtgtgcg	tgtgtttgc	tcattttctt	aggaacttg	ggagtcgggg	ttggaggtgc	1800
tgggcaatgg	aacttcaaata	tcaatgtcgc	ccagcagtga	ggggagtccg	gaggtgaggc	1860
ctgttaggcca	accaatttgtt	ggagtctcag	cgataacccag	gtgagaagtg	gttcacccag	1920
aggggcagggg	tgggggccc	gggcagatct	gtcccttcttg	gcccctctgt	cctcaaatagt	1980
ccaaaatgtt	ggaggacctc	tgttcatatac	ccacgcctgg	gtcttgcac	gcagtggagt	2040
tactgttagag	ggatgtccca	agcttgtttt	ccaaatcagtg	ttaagctgtt	tgaactctc	2100
ctgtgtctgt	gttttgtttt	tgcgtgtgt	tgagagcaca	tcagtgtgt	caggctgtgt	2160
ttccccatctt	ctctccctcc	tcacagaccca	tcatttgagaa	caaataatgt	aaatcccttc	2220
ccaccacccct	ccctgccttcc	caggccctct	gccccggggaaa	caagatcacc	cagcatcctt	2280
ccccacccca	gtgtgttatt	tatatagt	gaaataatact	ttatattttt	tatcatgtgt	2340
cctatagccg	ctgccaccgt	gtataaatacc	tgggttatgc	tccttatctt	ggacatgaat	2400

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

gtcctggcg ccctgcctt agccgtgggg ccccccaccctc caccctctgg gtttccctagg
 aatgtccagc ctcggagacc ttcacaaagc cttgggaggg tgatgagtgc tggctctgac 120
 aagaggccgc tggggacact gtgctgttt gtttctttc tgtgatctcc cggcacgttt 130
 ggagctggga agaccacact ggtggcagaa tcctaaaatt aaaggaggca ggctccctagt 240
 tgctgaaaatgta taggaatgt taaaacctc cacgtgactg tttgggtgcatt cttgacactgg 300
 gaagacgcct catgggaacg aacttggaca ggtgttgggt tgaggctct tctgcaggaa 360
 gtccctgagc tgagacgcaa gttggctggg tggccacac cctggctctc ctgcaggctcc 420
 acacaccttc caggcctgtg gcctgcctcc aaagatgtgc aaggcaggc tggctgcacg 480
 gggagagggga agtattttgc cgaaaatatga gaactggggc ctctgtctcc cagggagctc 540
 cagggccccct ctctcctccc acctggactt ggggggaact gaaaacact ttctctggagc 600
 tgctggctt tgcacttttt tgatggcaga agtgtgacct gagagtccca ctttcttcc 660
 aggaacgttag atgtcggggt gtcttgcctt ggggggcttg gaaacctctga aggtggggag 720
 cggAACACCTT ggcattcttc cccagcactt gcattaccgt ccctgtctt cccaggtggg 780
 gacagtggcc caagcaaggc ctcactcgca gccacttctt caagagctgc ctgcacactg 840
 tcttggagca tctgccttgc gcttggact ctggcgggtgc ctggggaaagg tggaaagagt 900
 ggactttgtc ctggccttcc ctcatggcg tctatgacac ttttgggtgt atggaaagca 960
 tgggacctgt cgtctcagcc tgggtttc tcctcatgtc ctcaaaccctt ggggttaggtg 1020
 ggacgggggg tctcgtgccc agatgaaacc atttggaaac tggcagcag agtttgccttca 1080
 aatgaccctt ttcaggatgt ctcaagctt gtccaaagg tcaactttctt ttcctgcctt 1140
 ctgctgttag cccctgagatc ctccctccag ctcaagggtac aggtcttggg tgagggtggg 1200
 agatttagac acctgaaact gggcgtggag agaagagccg ttgtgttttggg tttttggg 1260
 agagctttt aagaatgcattt gttttttcc tgggtggaaat tggtaggaa ctgaggctgt 1320
 gcttcaggtt tggtaaaatc aagtggggga ttttcatgtctt gaaaccattca agccctcccc 1380
 gcccgttgca cccactttgg ctggcgtctg ctggagagga tgcattttttccgg 1440
 tgcagctcca ggctcgccca gtttctctc tctccctgg tggtaggtct catcagaata 1500
 tggggtagg ggggtggacgt gcacgggtgc atgattgtgc ttaacttggg tgtattttcc 1560
 gatttggacat ggaaggcctg ttgtttgtctt gtttggaaata tgcattttttccgg 1620
 aggccctattt ctgttggacat caactctgaa gtttggataca gataggggct tgcatactgt 1680
 ggtccccctt cccctctgac tacctaaaat caataccaa atacagaagc ctgggtctaa 1740
 cacgggactt ttagtttgcg aaggccctag atagggagag aggttacatg aatctggaca 1800
 gggagggaga tactatagaa aggagaacac tgcctactttt gcaagccagt gacctgcctt 1860
 ttggggggac attggacggg gccccggggc ggggggttttttggg tttggactac agtcatgaac 1920
 ttttggcgctc tactgattttcc tccaaactctc caccctccaa aataacgggg accaatattt 1980
 ttaactttgc ctattttgtt ttgggtggat tttttttctc ttattttgtt cctgagacca 2040
 cgggcaaaagc tcttcattttt gagagagaag aaaaactgtt tggaaaccaca ccaatgatata 2100
 ttttctttgtt aataacttggaa atttattttttt ttattttttt gatacgatgt gtcattttta 2160
 ttttattttat atgtataagg agccctaaaca atagaaaagct ttagagatgg gtttgcattt 2220
 ttaattgggt tgggagccctc ctatgtgtga ttatgtactt ctctgtgttc tggatatttt 2280
 tctgaattaa tgacctggga tataaagcta tgcttagctt caaacaggag atgccttca 2340
 gaaatttggta tattttggcag ttgcctggacc aataaaaatac ctgggtgaaa tacaaaaaaa 2400
 aaa

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2517 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STrang: einzeln

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

caagtgtgag ccaccacacc tggcctggaa ggaaccttctt aaaatcagtt tacgtcttgt	60
attttgttct gtatggagg acactggaga gagttgtat tccagtcaat catgtcgagt	120
cactggactc taaaatcctt atgggttctt ttatttttt tgagttttaga gttcccttct	180
gggtttgtat tatgtctggc aaatgacactg ggttataact tttcctccag gtttagatca	240
tagatcttgg aaactcctta gagagcattt tgctcttacc aaggatcaga tactggagcc	300
ccacataata gatttcattt cactctagcc tacatagagc tttctgttgc tgcctttgc	360
catgcacttg tgcgggtatt acacacttga cagtaccagg agacaaatga cttacagatc	420
ccccgacatg cctttttttt ttggcaagct cagttgcctt gatagtagca tgtttctgtt	480
tctgtatgtac ctttttttctt ttcttcttgc catcagccaa ttcccagaat ttccccagcc	540
aatttgtaga ggacctttt ggggtccat atgagccatg tccctaaagc ttttaaact	600
ccttgcttc ctacaatatt cagtagatga ccactgtcat cctagaaggc ttctgaaaag	660
agggggcaaga gccactctgc gccacaaagg ttgggtccat cttctctccg aggttgtgaa	720
agttttcaaa ttgtactaat aggctgggc cctgacttg cttgtggcctt tgggaggggt	780
aagctgctt cttagatctt cccagtggagg catggagggtg tttctgaatt ttgtcttac	840
cacagggatg ttgtgaggct tgaaaaggc aaaaaatgtat ggcccttgc gctctttgt	900
agaaaaggtag atgaaaatatc ggatgtatc tgaaaaaaag ataaaatgtg acttccccctg	960
ctctgtgcag cagtcggcgt ggatgtctg tgcccttct tgggtcctca tgccacccca	1020
cagctccagg aaccttgaag ccaatctggg ggactttcag atgttgaca aagaggta	1080
aggcaaactt cctgtacac atgcccgtaa tgaattgtct aatttcaaag gaaatggacc	1140
ctgtttttaa ggatgtacaa aagtatgtct gcatcgatgt ctgtactgt aatttctaat	1200
ttatcactgt acaaagaaaa ccccttgcta ttaattttt tattaaagga aaataaaagtt	1260
ttgtttgtta aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa	1304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2403 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

gcgaggagct	ggcacgcgc	cagggcctt	gctcaagaag	ccataccagc	caagaattaa	60
aatctctaaa	acatccatgg	atgggtatcc	ccactttgtt	gtggatttcc	ccctgagcag	120
actcaccgtg	tgcttcaaca	ttgatggca	gcccggggac	atcctcaggc	tggctctgt	180
tcacagggac	tctgggtgtca	cagtgaacgg	agagttattt	ggggcaccgg	cccctccaaa	240
tggccacaag	aaacagcgc	cttacttgcg	cactatcacc	atcctcatca	acaaggcaga	300
gagatcttat	ctcgagatca	caccgagcag	agtcatctt	gatgggtggg	acagactgg	360
gctccctgc	aaccagagt	tgggtgggg	gagctgggg	ctggaggtgt	ccgtgtctgc	420
caacgcata	gtcaccgtca	ccatccagg	ctccatagcc	tttgcatacc	tcatccac	480
ctacaaaaag	ccggcgccct	tccagcgcaca	ccacctgggt	ttctacattt	ccaacagcga	540
gggcctttcc	agcaactgccc	acggactgt	gggtcagttc	ctgaatcagg	atgcccagact	600
cacagaagac	cctgcagggc	ccagccagaa	cctcactcac	cctctgc	ttcaggtgg	660
agaggggcct	gaggccgtcc	taacagtgaa	aggccaccaa	gtcccagtgg	tctgaaagca	720
aaggaagatt	tacaacgggg	aagagcagat	agactgtgg	tttgcacagga	acaatgcgc	780
caaactgatt	gacggggagt	acaaggattt	cctggcattt	catccat	acacagggat	840
gacacttggc	caggaaatgt	ccagggagct	ctgaagctgg	cagcctt	gatgcaagtg	900
catgaaggac	agtgtatgtgg	ggaggccgtg	gggcagctt	tttcatggct	tgtacacgc	960
tca	gcaatttagct	ggactccat	accacccct	ggtgcagcat	agatccgcac	1020
tctgtctgg	cgaagggt	gggtgggt	ggggggaa	cctgagt	aatgtcat	1080
ccctctact	ccttccct	cctctccca	ccctggccac	atccacagag	gggagagaag	1140
gtcata	aaatgcaca	aagtctgtat	cttgcctt	cctgctt	ttttctgtt	1200
gcata	aagttaac	ttctggtaa	ggaagggtgc	tatgaaactt	tttttcttgg	1260
tggaaatggc	caagtttag	cactctgtt	tttgccttac	actaatgtt	agaaagctgt	1320
cttttcagtg	gtgtgcagc	ccccagatgt	gtggccaacc	tctgctgcaa	aggaatctt	1380
tgctgagtcc	aggccaccaa	tcaggcaat	agccatatac	tttgatgtt	gtaaaccat	1440
aagtctttc	ttgcaagac	tttttctt	gctgtggat	cttgcctt	aaaatttagt	1500
ttcattaaaa	agaaatttga	ttgaaaataa	aaa			1533

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1304 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

agaagttccc	aggcatacgg	ccttacctgg	ctacactggc	aggcaacttc	cgaatgcctg	60
tgttgggga	gtacctgatg	tctggaggt	tctgcccgt	cagccggac	accatagact	120
atttgctttc	aaagaatggg	agtggcaatg	ctatcatcat	cgtggcgggg	gtgtcggtcg	180
agtctctgag	ctccatgcct	ggcaagaatg	cagtcaccct	gcggaaaccgc	aagggttttg	240
tgaaaactggc	cctgcgtcat	ggagctgacc	tgttcccat	ctactcctt	ggagagaatg	300
aagtgtacaa	gcaggtgatc	ttcgaggagg	gctcctgggg	ccgatgggtc	cagaagaagt	360
tccagaaata	cattggtttc	gccccatgca	tcttccatgg	tcgaggcctc	ttctcctccg	420
acacacctgggg	gctggtgccc	tactccaagc	ccatcaccac	tgttgggga	gagcccatca	480
ccatccccaa	gctggagcac	ccaaccacgc	aagacatcga	cctgtaccac	accatgtaca	540
tggaggccct	ggtgaagctc	ttcgacaagc	acaagaccaa	tttcggcctc	ccggagactg	600
aggtcctgga	ggtgaactga	gccagccttc	ggggcaattt	ccctggagga	accagctgca	660
aatcactttt	ttgctctgta	aatttgaag	tgtcatgggt	gtctgtgggt	tattnaaag	720
aaattataac	aatttfgcta	aaccataca	atgttaggtc	tttttaaga	aggaaaaagt	780
cagtatttca	agttcttca	cttccagctt	gccctgttct	aggtgggtgc	taaatctggg	840
cctaattctgg	gtggctcagc	taacctctt	tcttcccttc	ctgaagtgac	aaaggaaact	900
cagtcttctt	ggggagaag	gattgcatt	atgtacttgc	accagttaga	tgattcactt	960
tttgccttca	gggatgagag	gcgaaagcca	cttctcatac	aagcccttt	attgcccacta	1020
ccccacgctc	gtctagtcct	gaaactgcag	gaccagtttgc	tctgccaagg	ggaggagttg	1080
gagagcacag	ttggccctt	gtgtgagggc	agtagtaggc	atctgaaatg	ctccagtttgc	1140
atctcccttc	tgccacccct	acctcaccctt	tagtcaactca	tatcgagcc	tggactggcc	1200
tccaggatga	ggatgggggt	ggcaatgaca	gcctgcagggg	gaaagagett	tcgcccgtgg	1260
acgattttag	ggggggtttc	gccaccagtt	ggtgtggggg	gtta		1304

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1533 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

gagaaaacgg	gacccttgg	ccaaactt	c a a g a a a g g a t	aaagattaaa	actaatggac	360
tgggtattgg	tgtaaatgaa	tccatacaca	atatggcaa	tggtcttca	gaggaaagg	420
gaaacaactt	caatcacatc	agtcccattc	cggcagtgc	tcatcccg	tcagtgattc	480
aacaagcaga	agagaagctt	cacacccgc	aaaaaaggct	aatgactct	tggaaagaat	540
cgaatgtcat	gcaggacaaa	gatgcaccc	ctccaaagcc	aaggctgagc	cccagagaga	600
caatatttgg	gaaatctgaa	caccagaatt	cttcacccac	ttgtcaggag	gacgaggaag	660
atgtcagata	taatatcg	cattccctgc	ctccagacat	aatgataca	gaaccgg	720
caatgatttt	catgggtat	cagcaggcag	aagacagtga	agaagataag	aagtttctga	780
caggatatga	tggatcata	catgtcgac	tggttgtat	tgatgatgag	gaggaggagg	840
atgaaggaga	agcagagaaa	ccgtcctacc	accccata	tcccatagt	caggtgtacc	900
agccagccaa	accaacacca	cttcctagaa	aaagatcaga	agctagtct	catgaaaaca	960
caaatacataa	atccccccac	aaaaattcca	tatctctgaa	agagcaagaa	gaaagcttag	1020
gcagccctgt	ccaccatcc	ccatttgat	ctcagacaac	tggagatgg	actgaggatc	1080
cattccttaac	agctttaagg	atgagaatgg	caaagctgg	aaaaaagg	atctaagagt	1140
tgtaccac	atataaacat	cctttgaaga	agaaacta	aagcattgc	aaatttctct	1200
tctggatatt	ttgttttattt	tttctgaa	ccaaaaaaatt	atcattacag	tgtaccat	1260
taagccatgt	gaataagt	tagtcattat	ttgtgaaaaa	ttcccaaaaa	gctggggaaa	1320
acaaatgtgt	aactttcca	gttacttgac	acgattcagt	ggggaaaaac	cagcatttt	1380
tattctattt	ataccaa	atttctaata	agagctt	aaatttaaga	ataaagtat	1440
ttaaaatata	aagagtat	tatattaact	ggcattgt	ttttgat	acaagat	1500
aaagatcata	ggaaagcatt	gcccttcatc	acagaagat	tcaactctg	caaataaata	1560
tgtcatcctg	aattaaaaat	gccttaataa	aagtacatcc	tcctgctaaa	aa	1612

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 387 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

ggggttt	ccacattcg	tcaggttgt	ttcaaaactcc	ctgaccttt	tgatcccacc	60
ccgcctcg	ctccccaa	tgcttggat	taccaggat	gagccatca	cacccctgg	120
aactttctt	tgattagtgt	ttttgtgt	tatcttttc	catcatgtt	atctaaat	180
atctatatta	ttgtat	aatgtttt	ttacagact	catgtat	ttggtataattt	240
ttatccat	aaaaat	tgtctt	ttgggtt	gacaattt	atttat	300
attgttgaat	ttaagat	tgacgg	tggtgg	tcaccactt	tgttattt	360
ttccagaat	tcttggatt	gttaaaat				387

gggagggat	caacagggt	ggcatggat	ggtaccagac	gtgctccaac	aatgggctgg	360
tggcaggatt	ccagagccgc	tacttcgagt	cagtgcgtgg	tcggggagtgg	cagttttact	420
gttgcgcata	cagcaagagg	tgcgcattt	cctgcgtggct	aacaacagaa	tatccaggtc	480
actatggta	gaaatggac	atgatttcct	acaattatga	ttactatatac	cgaggagcaa	540
caaccactt	ctctgcagtg	gaaagggtac	gccagtggaa	gttcataatg	tgccggatga	600
ctgaatacga	ctgtgaattt	gcaaatgttt	agatttgcca	cataccaaat	ctgggtgaaa	660
gaaaaggggc	cggggacagg	aggggtgtcca	catatgttaa	catcagttgg	atctcctata	720
gaagtttctg	ctgcctcttt	tccttctccc	tgagctggta	actgcaatgc	caacttcctg	780
ggcctttctg	actagtatca	cacttctaatt	aaaatccaca	attaaaaccat	gtttctcact	840
tttcacatgt	tgcatacgaa	ctgcttata	tgactgatga	tggcttcctt	gcacaccaca	900
tatacagtgc	gcatgcttac	agccggctt	ctggagcacc	agctgcagcc	tggctactgc	960
tttttactgc	agaatgaact	gcaagttcag	catagtgga	gggagaggca	gaactggagg	1020
agaggtgcag	tgaagggtct	ctacagctaa	gcctgttga	atgatacgt	gttccccac	1080
caaaaaggcagg	ctttctgccc	tgagggacat	cttcccactc	ccctgctcca	catgagccat	1140
gcatgcttag	caatccaagt	gcagagctt	ttgctccagg	agtgaggaga	ctgggaggtg	1200
aaatggggaa	atgaaagggt	ttggaggcag	agctgaaaac	agggttggaa	ggatttcctg	1260
aattagaaga	caaacgttag	cataccagt	aaggaaaatg	agtgcagggg	ccaggggaaac	1320
ccgtgaggat	cactctcaaa	tgagattaaa	aacaaggaag	cagagaatgg	ttagagaatg	1380
ggattcagat	tgggaacttg	tggggatgag	agtgaccagg	ttgaactggg	aagtggaaaa	1440
aggagtttga	gtcactggca	cctagaagcc	tgcccacgt	tcctaggaag	gctggcagac	1500
accctggAAC	cctggggagc	tactggaaa	ctctcttgg	ttgggcctga	tttttttgt	1560
gggaaaggct	gccctgggaa	tcaactttcc	ttctgtgtgt	ggctcaaggag	ttcttctgca	1620
gagatggcgc	tattttcct	cctcctgtga	tgcctgtctc	ccaaccattt	gtactttca	1680
ttacaaaaga	aataaaaata	ttaacgttca	ctatgctgaa	aa		1722

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1612 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

ggccatggaa	attaaagttg	aaaaagactt	gaagactgg	gaaagtacag	ttctgtctc	60
aattacctt	gccatcagat	gactttaaag	gtacaggaat	aaaagtttat	gatgatggc	120
aaaagtca	gtatgcagta	agttctaatac	acagtgcagc	atacaatggc	accgatggcc	180
tggcaccagt	tgaagttagag	gaacttctaa	gacaaggctc	agagagaaac	tctaaatccc	240
caacagagt	tcatgagcct	gtatatagcc	atccctttta	caggctaca	accccacaga	300

attacggttt	gaacataatt	ggagaacctt	tccccaaggc	agaaaacaagc	aactgaggg	240
aaaagaaaaca	caacaatagt	ttaagaaaatt	ttttttttaa	ataaaaaaaa	ggaaaagagg	300
aagactggac	aaaacaacac	aaaggcagaa	aggaaagaaa	ctgaagaaag	aagataatag	360
accagcaatt	gcagcactta	caatcaacta	ttcccttaag	gttgaactg	taatgacata	420
aaaagggtcg	atgatatttc	actgatggta	gatcgacgc	cctgcaacgt	agcctttgtt	480
acatgaagt	cgctggaaa	tagatgttct	gtctctatga	caatataattt	taactgactt	540
tctagatgcc	ttaatatttg	catgataaggc	tagttttattt	ggtttagtat	tcttggtttt	600
tacgcatttgc	atcaactattt	ctggttatct	caccaacgaa	ggctaggagg	ccgcgtcaga	660
ggtgcgtgg	gacagagcca	tgagccagcc	atttataag	cactctgatt	tctaaaagtt	720
aaaaaaaaata	tatgaaatct	ctgttagccctt	tagttatcag	tacagattta	ttaaatttcg	780
gcccttaacc	cagccttttc	cagtgttaa	cccgatttga	aatctaaaaa	aaagaaaaaa	840
tgaaaaaaaaa	aggaaaaaaaaa	gaaaaaagga	aaaaaacagt	ttgaacacaa	aggctctatg	900
gaagaaaatgc	ctctatgttag	gtgaagtgtt	ctctctgcat	gcaacagtaa	aaattaatat	960
aatattttcc	ccacaaaaga	aacacttaac	agaggcaagt	gcaatttata	aatttataatc	1020
taaaggggaa	tcatgattat	aagtccctca	gcccttggac	tctaaattga	ggggattaaa	1080
aagaattttaa	aataattttg	aacgaattta	tttccctc	agtttttgag	ggcattaaaa	1140
aggcattaaa	tcaagacaaa	tcatgtgctt	gagaaaaata	aaattaatga	aaacacagca	1200
cttatgttgg	tttagctgca	gcctcccttgg	aggtagaatt	tatttattta	aaattactgg	1260
ttgcatcaag	aaccatagg	gtgtacaaaa	ggttctataa	aatctgcatt	atagagacaa	1320
agaggcaggc	aaatccatgt	cacaaggta	aagcttacag	tttacaaaact	gggaacgcac	1380
gggtgttagga	tataaaaacg	cactcttgag	aaaacaaatg	taatcagggt	gctgaaaact	1440
tgcatgggc	tttcagacat	tagcctgtt	caacaaattt	cttgtattga	cagatccata	1500
gtgtgcatttgc	gcagacacat	tttgcctcta	tgtctttaa	aatttttaatt	aaaaataactc	1560
tttccagtaa	tcctaatttg	cacgaagata	taatgtccac	attacgtgcc	ttgccttgaa	1620
atctaaaaaa	caaaaaacaa	aaaagaaaag	gaacaaaaaa	atacaacaaa	gtgacatcac	1680

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

cattgtttgc	aaaaatccca	ggcagcatgg	acccatgtct	tctctggta	cttcgtcccc	60
tagtcacccat	ggccctggggc	cagtatggcg	attatggata	cccataccag	cagtatcatg	120
actacagcga	tgtatgggtgg	gtgaatttga	accggcaagg	cttcaagctac	cagtgtcccc	180
agggggcaggt	gatagtggcc	gtgaggagca	ttttcagcaa	gaaggaaggt	tctgacagac	240
aatggaaacta	cgcgtgcgtg	ccccacggccat	agagccctgg	ggaacccacg	gagtgtgtgt	300

cattttgtga	atgttagacta	tggatatact	cctaataatgc	tgtatgttagtc	ataaaaagggg	1740
gtcaagtaga	tgtttttctg	ttatgttaagc	aataattttt	ccgtgtctta	ttgagtagatgg	1800
ctagcgatta	tttatttacat	gctagatggg	ttctttgcatt	gtgggttcca	tataagggtca	1860
gaaatttcct	cagccactgg	agggatttcg	accatatttgc	tcattttggat	gagctgttat	1920
tagattgaaa	tctacacatc	atttcatattaa	aaatttgcc	ttagaaaaacg	caaagctgtt	1980
gcacatggcg	ataaattatcg	gatgcagttac	attgaagaga	gatgaagtca	cttccaagtt	2040
tccaagactt	ctcatggagg	tgtttgtctgt	tttacagggaa	aaaaataaaaaa	taaaaaaaaga	2100
aaaaaaaagag	aaaaaaattaa	attcaaaaaat	tgttttggaa	atgtacagat	caagtc当地	2160
attttgattt	tccacccctgaa	tgttttatttt	aatattttgc	taatgtggat	gtttacactt	2220
tgcattgtat	tagcagagta	ccactatgttt	tgcacaaaca	tgtacaatatt	ggtcatttcat	2280
aaccgatttt	tatagaataac	tttttacatg	tgcaacttcc	tccggttatgt	aaggatttaca	2340
tgaatattgc	acattccctt	ctgggttccac	aaacccttattt	atacatattt	cttagtgagg	2400
ctcattgtac	atgtatttggaa	gctagaatcg	agtcaagaaa	aataaaggccc	cattctccaa	2460
ctgcaaaatg	tgttttccca	taatgttacac	tagtcacccag	cacagaataa	tctccaacat	2520
tttcttaaatt	cttaatttgcct	actgtttctt	tttatttttttgc	atttatttattt	catttggagt	2580
ctgttacatg	gcagctttagg	cagactatgt	cttgggttttt	ccaatgcagc	ataatgagta	2640
tgatctattt	cttttcaaat	aatcttttgc	atcccagggaa	aaaaaaaatg	ctctgttccaa	2700
tttgagctata	atgttaatgt	gtttgtttaa	aaaacaggttgc	aggcaagtga	gtgatttatt	2760
gttcctgttgg	aagtatatact	gattttttttgc	ctcataactcc	aaaagcttagt	ccctacttctt	2820
taataaaaaat	aatgggttaac	tttttgggttttgc	tcactatgttt	acttccatgt	catttccctt	2880
ctatgtatgt	tgatataatgc	aatacatattt	atagttatct	atacacagtg	taagattttaa	2940
caaactgaaa	tgatccaccc	cataatgttgc	tccgttccaa	agatgttact	gctctgggtg	3000
ggccagttgtt	ctatatcggt	tataacttact	ttcatttttttgc	gtattttatttgc	taaaatgcct	3060
ctgagaaaaaca	gtaaaaaaaataa	aaaacaacaa	gttgcatttttt	atgc当地	ttttatagta	3120
aatgtacattt	tataaataaa	atactcaaat	caaaaaaaa			3159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 876 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzeln
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

tgcttcaga aaaccatTTT ctctgcaaag aaaggaaaca gatTTgcaaa ctttaaagtC	1620
tgTCgtggat ttatttatCC tcagattatt gttaactgcat taaatctacc tttttgttt	1680
aagttgctg aacattaaaa aaaaaaaaaa	1710

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1089 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

cgctggataa aagcattaac catcagatcg agtctcccaG tgaaaggcgg aagtctataa	60
gtggaaagaa gctgtgtct tcctgtggc ttcccttggg taaaggagct gcaatgatca	120
tcgagacccT caatctctat tttcacatcc agtqtttcaG qtgtggatt tgtaaaggcc	180
agcttggaga tgcagtgagt gggacggatg ttaggatcc aatggctc ctgaactgta	240
atgattgcta catgcgtatcc agaagtgcgg ggcagcctac aacattgtg aacggcttc	300
aagcttccgg atcactcacc atttcttac tgagagtgtc ccctggcaac tgcttaacaa	360
aatcccaagc tcaggggctt ctcagcattt acctaatttc tgaaaggcgc ttctgaaagg	420
tggtatctgt tctttcgtag cacagtgtt atgttttcc tttttattgt tttgggttt	480
tgtttttttt ttgcatttgc acagtataca caaaagaata tgggggtgta atgatcctga	540
atagctaaa aaaggtttt acatggtcaa acaggcttat gttttaaaat gtgttattct	600
cttctttggg aatttgcata atgatgcaat aaacctgtt ttttttagaa tgcgttagaa	660
ttaaacactt tatgtttaca gaattgagct gcaagaaagtgc caagacatgc caatttgaga	720
cacacggctc tctaagactg aaggataaaat ttaatgcatt tcagaaacta aacatcacag	780
caagctctat ctctgagcta taatttgcatt ttaatgcaaa gacactagtt tgataatata	840
tactgtaatc ctgaaacatt tgcgttactt accttggag gtagaaatata tccaataaa	900
ttattgcacc gttagtattt gattctgtgt accttggaaag ttatgtcatt aatatacggt	960
ggttcatcaa ataaagcaaa accttgcattt atcagctaga tttacactcc gggacgttgc	1020
ccaaaggtag gaagaaagca gagggaaata tttcagtcatt catttccaaa gtcattatca	1080
aaatctgtga ggaagtttaa tcttccaaag agtcaatgtc agacatcagg cctctgttgc	1140
ctgcttcctcgaggcacta gattaggagt cttcaataag agacttaaca tgaggtat	1200
ggaagatgag gcaccgagat aagttcatca ttaggtgtga gcaactgctca cccttgcgtgg	1260
caagttctcc ttaaggccct gaagcacagg tgcggaaaga aaagcgatca gtcattatca	1320
atagaatcta tgcgttatat gatgtggtca gcccctggtc tgcgtatcagc aagaacatc	1380
agcacagatt atgcccctgcc cacttcaatg aatacctact ctcctccatt ctccatcact	1440
ttttttgtca tcaagaactc cggacccgtc ccatggagaa tttagagag gaaactcttgc	1500
ggagagctgg ttatTTTGT gcccctgtgc acgagtttca gtcggccaaag aaaggagtc	1560
agttattaaa aagcatcaca atgttagatct ccaggctggt tttttgtttt ttgttgcata	1620
gactggggaa agggggacta ttatTTGTC cttaatcaaa tggcaataaa gtcggatga	1680

tttattaaaa gaagattacg ttttacaatg taactataat ctcttgaatt tggtatctta	2580
ttaatgagtt taaaagatgt aaaacctaac cttttttaaa gctcoattgt cttatgttt	2640
tagaggctt tccgtaaaca tatatcttac atataataaa ctttcaaatt cttgcaaaaa	2700
aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa	2738

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1286 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

cggccggccc cctcctccca gagcggcagc ctttcccgc gcgtgctgcc ttccggcgtc	60
ggggccccc gggaaaaca tggcgctcgc cctggagca gtcgtgaaca gtgtccgaca	120
gctctcagct caaggggcaaa tgacacagct ttgtgaactg atcaacaaga gtggggaaact	180
ccttgcgaag aacttatccc atctggacac tggctcggg gctctggatg tacaagaaca	240
ctccttggc gtccttgctg tttgtttgt gaagtttct atgcccagtg ttcttgactt	300
cgaaacgcta ttctcacagg ttcagctctt catcagcaact tgtaatgggg agcacattcg	360
atatgcaaca gacactttt ctgggctttg ccatcagcta acaaatgcac ttgtggaaag	420
aaaacagtga caacataaga tccaatgtgc tggcatctt gagaacttat ctgaaagaga	480
tgtcatttct gacaacccct gcgaggaatt ggcatttcata agcaagccat agacaagatg	540
cagatgaata caaaccagct gacctaata catgctgatc tctgcagct ttgtttgcta	600
gcaaaatgtct taaagcctgc cttccatat ctgcacgtgg atatgatgga tatctgtaaa	660
gagaatggag cctatgatgc aaaacacttt ttatgttact attattatgg agggatgatc	720
tatactggc tgaagaactt tggaaagagct ctctactttt atgaacaggc tataactact	780
cctgccatgg cggtcagtca tttatgttgc gaatcatata aaaagatata tttagtgtct	840
ttgatattac ttggcaaagt acaacagcta ccaaaatata catctcaat tggggtaga	900
ttcattaagc ctcttagcaa tgcataccac gagttacac aagtgttac aaccaacaac	960
ccctcagaac tccgaaacct ggtgaataag cacagtggaa ccttcaactcg cgataacaac	1020
atggggctgg tgaagcaatg cttgtcatct ctttataaga agaatttca gaggctaaaca	1080
aagaccttt taactctatc attacaagat atggcaagtc gtgtcagtt gtctggacct	1140
caggaggcag agaaataacgt tctgcacatg atagaagatg gtgagattt tgcaagtatt	1200
aaccagaagg acggtatgtt cagttccat gataaccctg aaaaatataa taacccagcc	1260
atgcttcata acattgatca ggagatgtt aagtgcattt agctgatgaa gggctgaa	1320
gccatggacc aggagatcac agtgaaccct cagttgtac aaaagatgtt gggctcaca	1380
gaagatgatt caggaaacaa accatccagt tattctgaa actaacatcc atcctgagct	1440
aaacaaagaga aactaccatc ttggccagtg acaagtgttc ggaggccagc agagaggacc	1500
aaggctgtgt cacctggaga ctaagaaatt aagttttgtt ttgacatctt cagtcctgtg	1560

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

gctccgtgcc	agcatgctac	cctgggaggc	acatccaggc	ttgggaaacg	ggggtgtct	60
ggatctcatg	actccagcag	caccagctgc	tctcttccct	cttccaagta	gacttccgtt	120
cccccccccac	ttgggtgttt	ttgtttgttt	tagcaattca	gagctcaaga	taaagacctt	180
aaagataact	ttgtgtgtct	ctccctttct	agttatgtc	ataggaatca	gaggagttaa	240
tcttgtctct	tctcacaggt	ttgaatcttc	agacaaactt	ctgggaggac	tcggtccatg	300
cctcgccagca	gatgttccct	gtcaatcagt	aggcaaatttgc	gttaccatt	ctccccagaa	360
atctcaccag	tgtgtctact	gtgagaagac	gttcaaccgg	aaagaccacc	tgaaaaacca	420
cctccagacc	cacgacccca	acaaaatggc	cttgggtgt	gaggagtgtg	ggaagaagta	480
caacaccatg	ctgggctata	agaggcacat	ggccctccat	gccccccagca	gtggggact	540
cacctgtggg	gtctgtgccc	tggagctagg	gagcaccggag	gtgtacttgg	accacccctaa	600
agcccatgctg	gaagagaagc	cccctagccg	aaccaaggaa	aagaagcacc	agtgcgacca	660
ctgtgaaaaga	tgcttctaca	cccggaaagga	tgtgcgacgc	cacccgttgg	tccacacagg	720
atgcaaggac	ttctgtgtcc	ccagagattt	gggcgcagg	atcaccctac	780	
ccggcatacc	aagaagaccc	actcacagga	gtgtatgaaa	gagagcttgc	agaccggaga	840
ccttctgagc	accctccaca	ccatctcgcc	ttcattccaa	ctgaaggctg	ctgccttggc	900
tccttccct	tttaggagtt	ctggccagaa	cgggcttgc	agtacttgc	cagctgaggt	960
ccatagcctc	accctcagtc	ccccagaaca	agccgccccag	cctatgcage	cgctgccaga	1020
gtccctgtcc	tcctccacc	cctcggtatc	ccctggctct	cctccgcac	cccttcccaa	1080
tcacaagtagc	aacaccactt	ctacccata	ctcccccatt	gcaaggctgc	ccctcaaagc	1140
agatactaaa	ggtttttgtca	atatcaagttt	gttggaggac	ttgccttgc	aagagcctca	1200
gtcacctcaa	aagctcaacc	caggttttga	tctggctaa	ggaaatgtcg	gtaaagtaaa	1260
cctgccccaa	gagctgcctg	cagatgtgt	gaacctaaca	atacctgcct	ctctggact	1320
gtccccccctg	ttgggtttct	ggcagctgcc	ccctccctgt	acccaaaata	cctttgggaa	1380
tagcaacttt	gcccctgggc	ctggggaaatc	tttgccttcc	aggtaagct	gtctggggca	1440
gcagcagcaa	gaaccccccac	ttgcccattgg	cactgtgagc	ctggggcagc	tccccctggc	1500
ccccatccct	catgtgttct	cagctggcac	tggctctgcc	atccctgcctc	atttccatca	1560
tgcattcaga	taattgtattt	ttaaaatgtt	tttttcgtat	tctggaaagat	tttttaagaa	1620
gcattttaaa	tgtcaatttac	aatatgagaa	agattttggaa	aacgagactg	ggactatggc	1680
ttattcaatg	atgacttggct	tgagatgata	agagaattct	cgaactgcatt	gtattgtgcc	1740
aatctgtct	gagttttcat	gctttgtacc	aaatttaatg	aacgcgtgtt	ctgtatcaaa	1800
actgcaaaata	ttgtcataaac	caacatccaa	aatgacggct	gttatataata	agtgtttgtc	1860
atatggaaatt	taatcgtaag	ccatgatcat	aatgttaact	aaataacttt	atgtggcact	1920
gccttagtaag	ggaactatgg	aaaggtttgg	atttctccaa	atctggaga	attttcaaaa	1980
taagaaaata	acctttatata	gatataactat	gactaggctg	tgtatttctt	ttcagggatt	2040
tttctacatt	caggggttgg	tgttagtttag	ttactattac	catagccaaac	ctgttagttt	2100
acatatacat	ttttttgtgg	agcaatagag	ttctccattt	tacagaagca	ttttaaatgt	2160
agtttgaata	ttttccacaa	gatgtgtcaa	tgtgagttat	cacttcattt	atctttaaga	2220
aagactaaac	tgggtgtcag	ttacatctga	cagaaaaaaa	aaaaaaatca	ctgtgttaacc	2280
agtttaagt	gtaaaataat	ccaggcgtca	gttcaaaaggca	ttttgtgac	tttaatattg	2340
attatatattt	taacaggaat	ttaaaaaat	atactggaa	ttaaaaaatat	atataatatta	2400
aacaagaattt	ttttttgtct	tgtctagttt	aaactactac	tcaagctgt	taagttttta	2460
agtattttttt	gtaatcacca	ataaataaagt	gtatttgtaa	tccatcagtc	attatttagt	2520

- (A) LÄNGE: 833 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

attacaggca	tgagccactg	tacccagcct	ttccttataa	aattcaaaga	aaaaatttct	60
acacctttat	ccctcaaata	aaacaagtgc	tcagttctta	ccgtgccctt	gcaaggctca	120
tatgtaaaag	aaatctgaaa	tttagctgta	gaataaaaact	tgataaataa	aaagaaaaaa	180
catacatttc	tccagttgg	ttgctcttg	cttggtaag	taataaaccg	ttttaaagag	240
aaaatacttg	ctgttaaaccc	ccagtgcctt	caactcttt	ggcagaataat	ttttaaagaa	300
atccagcaag	caaactttga	ggtgctaatt	aaagtaaagg	aagggtgtat	ttctagttt	360
gcaagaaatg	aaaagtgtct	cacaagagac	atcaactacc	acgtgggtc	tggctgctt	420
ctacccaaaga	catttagaga	agaagtgaat	tgagtcaagg	tgatggtaa	cactacata	480
tttatagatg	gttaagttga	gaattaatta	tgtttatcat	ggatggctac	taataccaa	540
ctcatgattt	ttgcagccct	aacgtcttag	gcagtaaaac	ttgtctgcag	cactaaagg	600
ggagaaaacc	ttatattttt	caaactgtcc	attcgtaaa	tttattgtaa	cctaatacca	660
aaaactgcgg	tttttcatat	tattccccca	cctcctactt	ttttttttt	tttttgcata	720
ttgtaaaata	acccttctta	gaaaataagc	attaactgga	atgtttcaaa	caattttgt	780
tcattttact	atcaaggccact	agtgaactct	tacagagatg	tacatttaag	ataaaattag	840
cttgcgtctaa	gtgtttaaa	aacattgttt	actgttaaag	gggaattgca	cattatatt	900
aactgggatt	gctccctccc	tcagttcttt	aaaaaacaag	agtcaaggct	cacaccaact	960
tgtaggctgt	gggagctttg	ccataggtag	atacaatgt	gaagtatact	tttttaaagc	1020
atgaagaaga	caaggaactt	cattataatg	taccaggtag	aggacattat	tattcaaagg	1080
attatgcaca	gctcaigtgaa	gatgaagtta	caattttct	cgcagctt	ttgcttattat	1140
tttcttctgc	ataaaatgtat	gctcattca	ttatgtgcct	tgctccctga	tttgcaaaag	1200
cttatataata	tatataatata	gatagataga	tagatagata	gatatatgag	agagatata	1260
tcaagtactac	tgaggatgtt	tttctgagga	tggtttgtt	ctgctggatt	aagttatttt	1320
ccaagttact	cttgcctagtt	atgtcagtaa	actattgtaa	tggcttagca	cactagtct	1380
acagtcagt	taaatgtttt	tcatttacat	gttttcatta	tatcagctta	tcaaattcctt	1440
aataaaaaaa	attcatagat	ttcatttaaa	c			1471

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2409 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

agatactgca	gtgaaaagccc	aagtccctgg	aagcttccc	cagtgaagga	ctgactgggg	720
gcctcacgct	taactggtag	tgcccacaag	cctggcagct	gtagagccgc	gaacccccc	780
acacccct	caccgcgcag	gaccctgagt	gaggaggagg	agctggaaac	ctgggggtgg	840
ttggccaaag	gagaacctca	agctccctggc	ctgatccagc	tccttccctgc	ccaaggcagc	900
ttagccccatc	cagactggtc	ctgaagtctg	tccctccatt	ggcatgaagt	ctgccccctca	960
gcagtcggc	ctcacaggct	gtactttcat	ggtgctctct	accttctggc	ccccatccca	1020
gaacattcgt	gagtgaattc	gcaagcatac	tagcatgtga	tattaggag	tttgcaataa	1080
attattgatg	ctgatgtaaa	aaaaaaaa				1107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 585 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

gtgaatatgt	gtgttatatgt	gtgtgtatgt	gtgtgtgggg	tttggggtag	aaggaggaga	60
ggggccagga	cagtgtggaa	tctctagggt	gtatgggtag	gtagggggca	cagttagtgc	120
taagtgggct	tttatgtctaa	aaggcctctgg	ggatatactgt	tttggaaaata	aagatagggt	180
tccctccctt	gttgtcatct	agccagacca	ctctgtttgc	tctctggctg	tctgtccct	240
gggaaggctt	taggaggacc	accaggacca	ggatgaccat	gtgcacatct	gtctggagc	300
tgggtctca	tgcaggggaa	cagtgtactgt	ggatgggtgc	agtctctgtt	gggagggtgag	360
gatagaagtg	ataaaagagct	aaggaggac	tctggagac	ttggaggagg	tcagtcttgc	420
agtgtgttga	ccaggacata	ggagatggag	cagggtctgt	agaggaggag	attctgagga	480
ggatgcaggg	gaaatcttgc	ctgttaatga	aatagggggt	gggtgggggt	ttgggtgggg	540
tggtcattgc	cgtttgagct	gctgattttc	atgagtgcgc	ttcaaaaactc	tcgtgttaggg	600
ttgacaatgt	gggggggtgg	gggatccagc	ttattctttt	attttcaagt	ccattcttgg	660
ggctgggtgg	gagggcaggag	aataccccc	cctaagccct	tagtgtgtgc	cgagcttgc	720
ttgtgatgtt	ggcaggggag	gggagacctg	gggtggtgact	gagttccctt	tatcaaacc	780
ttcaatgggc	acaaaattga	gtgcttgatt	ttagggtttt	ttttttatg	aatgtccaaa	840
tctgtgttcc	ccctctccct	cccagactgt	gtggccagtt	gaaagtgtct	gttttggttt	900
catctctccc	tcatttctgg	agcaggccct	gagaccctgc	cacatctct	atgctctgca	960
tccacgcctc	tttggacat	taaagggtga	ttgatgcataa	acaactttac	aacggggtgg	1020
tttggggaaag	cttgggttgc	gcggcttat	ggggttgcgg	cg		1062

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

TCAGCTGTAT TTCCAGTAAC ACAGCATCAT CGCACTGACT GTGGCGCACT GGGGAATAAC 1680
 AGTCTGAGCT AGCACCAACCC TCAGGCCAGGC TACAACGACA GCACTGGAGG GTCTCCCTC 1740
 TCAGATTACAC CTGGAGGCC TCAGACCCCC AGGGTGCACG TCTCCCCAGG TCCTGGGAGT 1800
 GGCTACCGCA GTAGTTCTG GAGAGCACGT TTTCTTCATT GATAAGTGA GGAGAAATGC 1860
 AGCACAGCTT TCAAGATACT ATTTTAAAAA CACCATGAAT CAGATAGGGA AAGAAAGTTG 1920
 ATTGGAATGG CAAGTTAAA CCTTTGTTGT CCATCTGCCA AATGAACTAG TGATTGTCAG 1980
 ACTGGTATGG AGGTGACTGC TTTGTAAGGT TTTGTCGTT CTAATACAGA CAGAGATGTG 2040
 CTGATTTGT TTTAGCTGTA ACAGGTAATG GTTTTGAT AGATGATTGA CTGGTGAGAA 2100
 TTTGGTCAAG GTGACAGCCT CCTGTCTGAT GACAGGACAG ACTGGTGGTG AGGAGTCTAA 2160
 GTGGGCTCAG TTTGATGTC GTGTCTGGC TCATGACTTG TAAATGGAAG CTGATGTCAG 2220
 CAGGTAATTA ATATTATGAC CCACTCTAT TTACTTTGGG AAATATCTTG GATCTTAATT 2280
 ATCATCTGCA AGTTCAAGA AGTATTCTGC CAAAAGTATT TACAAGTATG GACTCATGAG 2340
 CTATTGTTGG TTGCTAAATG TGAATCACGC GGGAGTGGT GTGCCCTCA CACTGTGACA 2400
 TTGTGACATT GTGACAAGCT CCATGTCCTT TAAAATCAGT CACTCTGCAC ACAAGAGAAA 2460
 TCAACTTCGT GGTTGGATGG GGCGGAACA CAACCGAGTCT TTTTGTATTT ATTGTTACTG 2520
 AGACAAAACA GTACTCACTG AGTGTTCAG AGTTTCCTAC TGGTGGTTT GATATTGTT 2580
 GTTTAAGATG TATATTAGA ATGACATCAT CTAAGAAGCT GATTTGCTA AACCTCTGTT 2640
 CCCTACAATG GGAAATGTCA CAAGAATGTG CAAAAATAAA AATCTGAGGA AAAAACCAA 2700
 AAAATTCTTA AAGAGAATG 2719

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 786 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STrang: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

ggcccgccca gcccagctga aggcaataag ctgggctcac cgctgcagca gagttctgtg	60
ctagccgggc ataggggcga gagaaggccc agaggcgacg tcagagagaa gcaactgcgc	120
cccggtqaag agaagctcgc ccatcaccgg ctgggagcca gctttcagtg aagatggcag	180
ggccagaact gttgtttgac tccaaacatct gcctctgggt ggtccatcccc atcgttatca	240
cttttcgttag acatgatccg ccactacgtg tccatctgc tggagagcga caagaagctc	300
accaggaaac aagtatctga caggggacga ggcacccaca gtccctctcc cataaggctg	360
ccaagaagat ttagtggcc cgtgttaacgt ttgacctgta caagctgaac ccacaggact	420
tcattggctg cctgaacgtg aaggcgactt tttatgatac atactccctt tcctatgatc	480
tgcactgtg tggggccaag cgcatcatga aggaagcttt cgcgtggcc ctcttcagca	540
tgcaggccac aggccacgtt ctgcttggca cctcctgtta cctgcagcag ctccctcgatg	600
ctacggagga agggcagccccc cccaaaggcga aggccctatc ccttatcccc acctgtctga	660

CTTTCACGT TCTCACAGGA CATGTACCTA ATTATGGTAC TTATTTATGT AGTCACTGTA 660
 TTTCTGGATT TTTAAATTAA TAAAAAAAGTT AATTTGAAA AATCAAAAAA AAAAGAAAGG 720
 AAGTAAAAGG A 731

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5 :

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2719 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

GGAGACCAGG CCCACAGAGA ACAGGGCAAG GAGCAGGCCA TGTGATAA GAAGGTGCAG 60
 CTCCAGAGAA TGGTAGACCA AAGGTCGGTG ATTCAGATG AAAAGAAAGT TGCCCTCCTC 120
 TATCTAGACA ATGAGGGAGGA GGAGAATGAT GGGCATTGGT TTTAATAAGC AGAAACATTT 180
 TGTTTAAATG GCAGCCTGTT GGCGACGTGC CAACATCCAA AGGCCTTAAC TTATTTAAG 240
 AGGCCGAGGG AGTCTATGAA AATCTCCCT TTTTACTTT TTTAAAGAGT ACTCCCGGCA 300
 TGGTCAATT CCTTTATAGT TAATCCGTA AGGTTCCAG TTAATTTCATG CCTTAAAGG 360
 CACTGCAATT TTATTTTGTA GTGGGACTT TTACAAAACA CTTTTTCCC TGGAGTCTTC 420
 TCTCCACTTC TGGAGATGAA TTTCTATGTT TTGCACCTGG TCACAGACAT GGCTTGCATC 480
 TGTTGAAAC TACAATTAAAT TATAGATGTC AAAACATTAA CCAGATTAAA GTAATATATT 540
 TAAGAGTAA TTTTGCFTGC ATGTGCTAAT ATGAAATAAC AGACTAACAT TTTAGGGAA 600
 AAATAAAATAC AATTAGACT CTAAAAAGTC TTTCAAAAAA GAAATGGAA ATAGGCAGAC 660
 TGTTTATGTT AAAAAAAATTC TTGCTAAATG ATTCATCTT TAGGAAAAAA TTACTTGCCA 720
 TATAGAGCTA AATTCTATCTT AAGACTTGAA TGAATTGCTT TCTATGTACA GAACTTAAA 780
 CAATATAGTA TTTATGGCGA GGACAGCTGT AGTCTGTTGT GATATTCAC ATTCTATTTG 840
 CACAGGTTCC CTGGCACTGG TAGGGTAGAT GATTATTGGG AATCGCTTAC AGTACCATTT 900
 CATTTTTGG CACTAGGTCA TTAAGTAGCA CACAGTCTGA ATGCCCTTT CTGGAGTGGC 960
 CAGTTCCAT CAGACTGTGC AGACTTGGCG TTCTCTGCAC CTTATCCCTT AGCACCCAAA 1020
 CATTAAATT CACTGGTGGG AGGTAGACCT TGAAGACAAT GAAGAGAATG CCGATACTCA 1080
 GACTGCAGCT GGACCGGCAA GCTGGCTGT TACAGGAAAA TTGGAAGCAC ACAGTGGACT 1140
 GTGCCCTTA AAGATGCCTT TCCCAACCT CCATTCTGG GATGCAGGTC TTTCTGAGCT 1200
 CAAGGGTGAA AGATGAATAC AATAACAACC ATGAACCCAC CTCACGGAAG CTTTTTTGC 1260
 ACTTTGAACA GAAGTCATTG CAGTTGGGT GTTTGTCCA GGGAAACAGT TTATTAATA 1320
 GAAGGATGTT TTGGGAAGG AACTGGATAT CTCTCCTGCA GCCCAGCACC GAGATACCCA 1380
 GGACGGGCCT GGGGGCGAG AAAGGCCCAAT ATGCTCATGG GCCGCAGGAGT GTGGACCTGT 1440
 AGATAGGCAC CACCGAGTTT AAGATACTGG GATGAGCATG CTTCATGGT TTCATTTTAT 1500
 TTTACACGTC AGTATTGTT TAAAGTTCT GTCTGTAAAG TGTAGCATCA TATATAAAA 1560
 GAGTTTCGCT AGCAGCGCAT TTTTTTAGT TCAGGCTAGC TTCTTCACCA TAATGCTGTC 1620

GCCCCGGGCC GGCGGGTTTC TCTAACAAAT AAACAGAACCGCGCACTGCCCGAGCGT 180
 TGCCTTTC AAAGTGGTCC CCTGGGGAGC TCAGCCTCAT CCTGATGATG CTGCCAAGGC 240
 GCACTTTTA TTTTATTTC ATTTCATTT TTTTTTAGC ATCCTTTGG GGCTTCACTC 300
 TCAGAGCCAG TTTTAAGGG ACACCAGAGC CGCAGCCTGC TCTGATCTA TGGCTTGGTT 360
 GTTACTATAA GAGTAATTGC CTAACCTTGAT TTTTCATCTC TTTAACCAAA CTTGTGGCCA 420
 AAAGATATTG GACCGTTCC AAAATTCAAGA TTCTGCCTCT CGGGATAAAAT ATTTGCCACG 480
 AATGAGTAAC TCCTGTCACC ACTCTGAAGG TCCAGACAGA AGGTTTGAC ACATTCTTAG 540
 CACTGAACTC CTCTGTGATC TAGGATGATC TGTTCCCCCT CTGATGAACA TCCTCTGATG 600
 ATCTAGGCTC CCAGCAGGCT ACTTTGAAGG GAACAATCAG ATGCAAAAGC TCTTGGGTGT 660
 TTATTTAAAA TACTAGTGTC ACTTTCTGAG TACCCGCCGC TTCACAGGCT GAGTCCAGGC 720
 CTGTGTGCTT TGTAGAGCCA GCTGCTTGCT CACAGCCACA TTTCCATTG CATCATTACT 780
 GCCTTCACCT GCATAGTCAC TCTTTGATG CTGGGGAACC AAAATGGTGA TGATATATAG 840
 ACTTTATGTA TAGCCACAGT TCATCCCCAA CCCTAGTCTT CGAAATGTTA ATATTTGATA 900
 AATCTAGAAA ATGCATTCTCAT ACAATTACAG AATTCAAATA TTGCAAAAGG ATGTGTGTCT 960
 TTCTCCCCGA GCTCCCTGT TCCCCTTCAT TGAAAACCAC CACGGTGCCA TCTCTTGTGT 1020
 ATGCAGGGCT ATGCACCTGC AGGCACGTGT GTATGCACTC CCCGCTTGTG TTACACAAAG 1080
 CTGTGGGGTG TTACGCATGC CTGCTTTTT CACTTAATAA TACAGCTTGG AGAGATTTT 1140
 GTATCACATT ATAAATCCCCTCGCTCTT TTGATGGCCA CATAATAACT ACTGCATAAT 1200
 ATGGATACGC CTTATTGAT TTAACTAGTT CCCTAATGAT GGACTTTAA GTTGTTCCT 1260
 TTTTTTTCTT TTTTGCTAC TGAAACAGAT GCTATAATAA ATGTCCTTAT CAAAAATG 1318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 731 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN: .

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4

CTTGGGACAA GACTCTCACC AGCACATCAC ACACGTTCTC CTTGGAAGAG AGAACAGTA 60
 CATCCCGGTT GAGAGGTACAAAGCATTAG TGGAAGAAAT GTGGTAAAGG GGGGAAGGTG 120
 TTATGCGGCT GCTCCCTCCG TCCCAGAGGT GGCAGTGATT CCATAATGTG GAGACTAGTA 180
 ACTAGATCCT AAGGCAAAGA GGTGTTCTC CTTCTGGATG ATTCACTCCA AAGCCTTCCC 240
 ACCCAGGTGT TCTCTGAAAG CTTAGCCTTA AGAGAACACG CAGAGAGTTT CCCTAGATAT 300
 ACTCCTGCCT CCAGGGTCTG GGACACACCT TTGCAAATG CTGTGGGAAG CAGGAGCTGG 360
 GGAGCTGTGT TAAGTCAAAG TAGAAACCCCT CCAGTGTGTT GTGTTGTGTA GAGAATAGGA 420
 CATAGGGTAA AGAGGCCAAG CTGCTGTAG TTAGTAGAGA AGAATGGATG TGTTCTTCT 480
 TGTTGATTAA TTTGTATCAT AAACACTTGG AACAAACAAAG ACCATAAGCA TCATTTAGCA 540
 GTTGTAGCCA TTTCTAGTT AACTCATGTA AACAAAGTAAG AGTAACATAA CAGTATTACC 600

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2

AAGACCCCGT CTCTACAAAG CAAAACGAAA AACAAACAAAT GGAGTTGTGC TATGTTGTAT 60
 TGCTTGCAC AAAATTAGGA ACAGGTGTT GACAATTGAA TTTGTTTCT GTGAATTCTA 120
 ACCTCTAAAG GCATGCTTAG AGGTCAAGGA CCTTCCTGTG TAGTTGGTGC AAAAGCAATC 180
 TCCACAGGAC AGCACTGCTT CCATGCTTCA TACATCAGGA AATGAGGCCA GAACTTGAGT 240
 ATTACTAAC ACGTTTTCA AAAGATGTCA GTGTTATACC TAAAGCTAAA AAAAAGCAAG 300
 GGGTTGTCAT AGAGGGAAACC TCTAAATAAT TTCAGGGTA GGGGAGATGT TGTCAATAGG 360
 AAATGGGATA AAATATCAAG AGACAATGAA AACACTGCCT TGACATGAGG ACCAGCAAGT 420
 TTATTCTTTT CATTTCAGT GATGTTGGGA ATGGACTGGG TTTTAAAAGG GAGCTTGAAG 480
 AGGGAATGTT TGACAGTCAC AGAAGGTTCC TGCAAGCAGAT GCCTCTTTA GCCATTTCTC 540
 ATTTTTTTC CAAAAATTTA CCTACTGAGG CTCAAGCCTT CACAGTGAGC TGATGGTCTC 600
 TACAGGGGAG GGGAGTCTAG GGAATTATT TGGTATTGT AAGGCAAGAG GTGATTTCTC 660
 TCTAATATAT CTGAGTTATT GCTCATTAA AACGTAAAG TCCAGTATAA TTTTCCCTGA 720
 TATGAAAAAA TGTGCATTTT TTTCACTTAG CAACAAAGTA CCTTCTAAATT TCCAATAGTC 780
 CGTGAAGATT GGGGCTGAAG TACCTAAGTG TGAATGTCTC TCCCCTTAAA CTGAGTGTAG 840
 AAATCTGAAT TTTTAAAAGA GCTGTAACTA GTTGTAAAGT CTTAGGAAGA AACTTGCAC 900
 ACATTTAATG AGGATACACT GTTCATTTT AAAATTCTT CACACTGTAA TTTAATGTGT 960
 TTATATTCT TTTGTAGTAA AACAACATAA CTCAGATTTC TACAGGAGAC AGTGGTTTTA 1020
 TTGGATTGT CTTCTGTAAT AGGTTCAAT AAAGCTGGAT GAACTTAAAAA AAAAAAAA 1080
 A 1081

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1318 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

GCCAAAGCGC AGGGTCAGCG ACACCTCTTC CGGCCAACG CCGTGCATGG AGCCCATCCT 60
 GGGCCGCACG CATTACAGCC AGCTGCCCAA GAAGAGCTGA GTCGCCGCAC CAGCCGCCGC 120

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

ATTGCATCAG CCCGCCTGGA AGAACTCACT GGGAAAGCTAC AAGTAGCTCG GAACCTTATC 60
 ATGAGGGGGA CGGAGATGTG CCCCAAGAGT GAAGATGTCT GGCTGGAAGC AGCCAGGTTG 120
 CAGCCTGGGG ACACAGCCAA GGCGTGGTA GCCCAAGCTG TCCGTCATCT CCCACAGTCT 180
 GTCAGGATT ACATCAGAGC CGCAGAGCTG GAAACGGACA TTCGTGCAAA GAAGCGGGTT 240
 CTCGGAAAG CCCTCGAGCA TGTTCAAAC TCGGTTGCT TGTGAAAGC AGCCGTTGAG 300
 CTGGAAGAAC CTGAAGATGC TAGAATCATG CTGAGCCGAG CTGTGGAGTG CTGCCCCACC 360
 AGCGTGGAGC TCTGGCTTGC TCTGGCAAGG CTGGAGACCT ATGAAAATGC CCGCAAGGTC 420
 TTGAACAAGG CGCAGGGAGAA CATTCTACA GACCGACATA TCTGGATCAC GGCTGCTAAG 480
 CTGGAGGAAG CCAATGGGAA CACGCAGATG GTGGAGAAGA TCATCGACCG AGCCATCACC 540
 TCGCTGCGGG CCAACGGTGT GGAGATCAAC CGTGAGCAGT GGATCCAGGA TGCCGAGGAA 600
 TGTGACAGGG CTGGGAGTGT GGCCACCTGC CAGGCCGTCA TGCGTGCCTG GATTGGGATT 660
 GGGATTGAGG AGGAAGATCG GAAGCATACC TGGATGGAGG ATGCTGACAG TTGTGTAGCC 720
 CACAATGCC C TGGAGTGTGC ACGAGCCATC TACGCCCTACG CCCTGCAGGT GTTCCCCAGC 780
 AAGAAAGAGTG TGTGGCTGCG CGCCGCGTAC TTCGAGAAGA ACCATGGCAC TCGGGAGTCC 840
 CTGGAAGCAC TCCTGCAGAG GGCTGTGCC CACTGCCCTA AAGCAGAGGT GCTGTGGCTC 900
 ATGGGCGCCA AGTCCAAGTG GCTGGCAGGG GATGTGCCTG CAGCAAGGAG CATCCTGGCC 960
 CTGGCCTTCC AGGCCAACCC CAACAGTGAG GAGATCTGGC TGGCAGCCGT GAAGCTGGAG 1020
 TCCGAGAATG ATGAGTACGA GCGGGCCCGG AGGCTGCTGG CCAAGGCGCG GACAGTGCC 1080
 CCACCGCCCC GGTGTTCATG AAGTCTGTGA AGCTGGAGTG GGTGCAAGAC AACATCAGGG 1140
 CAGCCCCAAGA TCTGTGCGAG GAGGCCCTGC GGCACATATGA GGACTTCCCC AAGCTGTGGA 1200
 TGATGAAGGG GCAGATCGAG GAGCAGAAGG AGATGATGGA GAAGGCGCGG GAAGCCTATA 1260
 ACCAGGGTT GAAGAAAGTGT CCCCCACTCCA CACCCCTGTG GCTTTGCTC TCTCGGCTGG 1320
 AGGAGAAAGAT TGGGCAGCTT ACTCGAGCAC GGGCCATTTC GGAAAAGTCT CGTCTGAAGA 1380
 ACCCAAAGAA CCCTGGGCTG TGGTTGGAGT CCGTGCAGGT GGAGTACCGT GCGGGGCTGA 1440
 AGAACATCGC AAATACACTC ATGGCCAAGG CGCTGCAGGA GTGCCCAAC TCCGGTATCC 1500
 TGTTGCTGA GCCCATCTTC CTCGAGGCA GGCCCCAGAG GAGGACCAAG AGCGTGGATG 1560
 CCTCTGAAGAA GTGTGAGCAT GACCCCCATG TGCTCCTGGC CGTGGCCAAG CTGTTTGGG 1620
 GTCAGCGGAA GATCACCAAG GCCAGGGAGT GGTCCACCG CACTGTGAAG ATTGACTCGG 1680
 ACTTGGGGGA TGCCTGGGCC TTCTTCTACA AGTTTGAGCT GCAGCATGGC ACTGAGGAGC 1740
 AGCAGGAGGA GGTGAGGAAG CGCTGTGAGA GTGCAGAGCC TCGGCATGGG GAGCTGTGGT 1800
 GCGCCGTGTC CAAGGACATC GCCAACTGGC AGAAGAAAGAT CGGGGACATC CTTAGGCTGG 1860
 TGGCCGGCCG CATCAAGAAC ACCTTCTGAT TGAGCGGTTG CCATGGCCGG TCTCCGTGGG 1920
 GCAGGGTTGG GCCGCATGTG GAAGGGCTCT GAGCTGTGTC CTCCTTCATT AAAAGTTTT 1980
 ATGTCTCGTG TCAGAAAAAA AAAGAAAAGA AAAAAGGGGG CGCCCGGGGG C 2031

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1081 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 76 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 77 bis Seq. ID No. 160 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1672
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1671

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 154

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2031 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STrang: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

DNA-Sequenz
S q. ID. No.

69

71

72

74

76

Peptid-Sequenz
S q. ID. No.

149

150

151

152

153

154

155

156

157

158

159

160

DNA-Sequenz n Seq. ID. No.	P ptid-Sequenz n Seq. ID. No
30	105
	106
	107
31	108
34	109
	110
	111
	112
37	113
42	114
43	115
	116
	117
45	118
	119
	120
	121
48	122
	123
50	124
	125
51	126
52	127
53	128
54	129
57	130
	131
58	132
	133
59	134
	135
	136
60	137
61	138
62	139
	140
	141
63	142
	143
	144
	145
64	146
65	147
68	148

TABELLE II

DNA-Sequenzen	Peptid-Sequenzen
Seq. ID. No.	Seq. ID. No.
1	77
2	78
	79
	80
	81
3	82
4	83
5	84
10	85
	86
11	87
12	88
13	89
14	90
15	91
18	92
19	93
20	94
21	95
22	96
23	97
24	98
	99
25	100
	101
	102
	103
28	104

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der Chromos. angemel.	Lokalisat.
76	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	296	2419	

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Sequenz	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
70	im Brust- und Blasenormalgewebe erhöht	human lipoprotein lipase	225	2939	Chrom. 8	
71	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	vermutlich neues humanes Gen mit einer DNA-Box, die für eine SH3-Domäne kodiert (SH3-Protein), diese Proteine sind Mediatoren der interzellulären Zellkommunikation	263	1950		
72	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	neues humanes Gen, das möglicherweise einen Transkriptionsfaktor darstellt, auf Nukleinsäure-Ebene besteht eine gewisse Sequenzidentität zu dem DNA-bindenden Protein CROC-1A	240	814		
73	ca. 12 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 20 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	sezerniertes humanes Gen, das mit Drosophila "frizzled" verwandt ist, es spielt eine Rolle beim programmierten Zelltod (Apoptosis)	404	3216		
74	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	vermutlich humanes Gegenstück des Maus Sox-18 Gens, die Sox-Gene stellen eine wichtige Gruppe von Transkriptionsfaktoren dar, die Entwicklungsprozesse wie z.B. die Sex-Determination (Sox9) mitsteuern. Sox-Gene weisen eine sogenannte HMG-Box ("high mobility group") auf, Maus-Sox 18 ist verwandt mit Sry ("testis-determining factor")	264	747		

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. - länge	Sequenz	Länge der Chromos. angemel. Lokalisat.
61	im Brustnormalgewebe erhöht	humane Homologe zu Mouse Kryin	225	2952	Chrom. 4
62	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	223	2313	unbekt.
63	im Brustnormalgewebe erhöht	mögliche neues Mitglied der PDGF-Rezeptorfamilie	192	1650	unbekt.
64	im Brust- und endokrinem Normalgewebe erhöht	humane Homologe zu Pig UMP-CMP-Kinase	223	2851	human STS SHGC- 36697
65	in Brust- und Blasennormalgewebe erhöht	unbekannt	221	1071	unbekt.
66	im Brustnormalgewebe erhöht	human cAMP phosphodiesterase mRNA	199	2375	
67	im Brust- und Blasennormalgewebe erhöht	human antigen CD 36	221	1823	unbekt.
68	im Brustnormalgewebe erhöht	humane Homolog to Schizosaccharomyces pombe sad1+ gene; Spindle pole body protein	248	2403	unbekt.
69	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	230	1246	unbekt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. - länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
55	im Brustnormalgewebe erhöht	human mitochondrial aldehyde dehydrogenase 1	321	2036	Chrom. 12, D12S84- D12S369
56	im Brust- und Gehirnnormalgewebe	human mRNA for long-chain acyl-CoA synthetase			
57	im Brustnormalgewebe erhöht	prepro-melanin-concentrating hormone	247	274	unbkt.
58	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt			
59	in Brust- und Prostatanormalgewebe erhöht	mögliche neues Mitglied der humanen toub- Genfamilie	205	850	unbkt.
60	in Brust- und Blasennormalgewebe erhöht	unbekannt			
			229	2091	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. - länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromosom. Lokalisat.
48	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	157	2192	unbekt.
49	im Brustnormalgewebe erhöht	human ras-like protein	305	2952	unbekt.
50	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	188	615	Chrom. 7
51	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	290	1488	
52	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	174	1304	Chrom. 11
53	im Brustnormalgewebe erhöht	unbekannt	289	2262	unbekt.
54	im Brustnormalgewebe erhöht	Homologes zu human B4-2 protein mRNA	306	1301	Chrom. 6

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg. - längen Sequenz	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
43	ca. 6 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	259	1025	Hum. Chrom. 10 zw. D10S222u. D10S597 (131-137 cM)
44	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe,	c-myc Proto-Onkogen	339	1219	Hum. Chrom. 8 zwischen D8S263 u. D8S284 (140-142 cM)
45	ca. 9x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	möglicherweise humanes Gegenstück eines Fettzellen-spezifischen Gens der Maus	328	538	unbkt.
46	ca. 6 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes Profilin II, es spielt eine Rolle beim Zusammenbau des Zytoskellets und möglicherweise auch bei der zellulären Endozytose	240	1776	Hum. Chrom. 3 zwischen D3S1555u D3S1299 (169-171 cM)
47	im Brustnormalgewebe erhöht	human placenta copper monamine oxidase	256	360	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Sequenz	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
39	ca. 21 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes alpha-B-Crystallin-Gen, ursprüngl. als linsen-spezifisches Gen kloniert, scheint es im Endometrium durch Progesteron und Östrogen reguliert zu werden. Die Expression korreliert mit der Nicht-proliferativen Phase des Menstruationszyklus.	247	1036	STS nicht gemappt	
40	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 7 x stärker im normalen Prostatagewebe als im entpr. Tumorgewebe, ca. 6 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes extrazelluläres Protein S1-5	265	2659	Hum. Chrom. 2 zw. D2S2371u. D2S388 (107-111 cM)	
41	ca. 15x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 7 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	humane Lipoprotein-Lipase	252	2939	Hum. Chrom. 8p21 (s. Literatur)	
42	ca. 12 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe, ca. 20 x stärker im normalen Blasengewebe als im entspr. Tumorgewebe	sezerniert "frizzled-related protein", also ein Gen, das im "wingless-pathway" ("frizzled" ist der "wingless"-Rezeptor) eine Rolle spielen könnte	273	3670	STS nicht kartiert	

Lfd.	Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromosom Lokalisat.
33		ca. 5 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humane Mi-2 Autoantigen, vermutlich eine Helicase, die die Transkription aktiviert	244	1393	Hum. Chrom. 12 zw. D12S93u D12S77 (12-21 cM)
34	ca. 7 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt		258	1236	unbkt.
35	ca. 10 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe und ausschl. in Brust exprimiert	humane "obese protein" (ob)		237	749	Hum. Chrom. 7
36	ca. 6 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humane Duffy-Antigen (DARC-Gen)		271	1251	unbkt.
37	ca. 8 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	möglicherweise ein neues Mitglied der Adipophilin, dies sind Fettspeicher-assoziierte Proteine		199	3283	unbkt.
38	ca. 5 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humane Semaphorin E, vermittelt möglicherweise zelluläre Resistenz gegen cis-Platinum (CDDP), einer in der Chemotherapie häufig verwendeten Substanz		240	2720	unbkt.

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.-	Länge der angemel.	Chromos. Lokalisat.
28	ca. 3 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	mäßige Homologie zur Glutamat-bindenden Untereinheit des NMDA-Rezeptors, möglicherweise humanes Gegenstück des <i>Drosophila</i> NMDA-Rezeptors assoziierten Proteins	244	1768	unbekt.
29	ca. 4 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humanes β -Spectrin	247	3479	STS nicht gemappt
30	stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	unbekannt	88	933	unbekt.
31	ca. 3 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	wahrscheinlich humanes Gegenstück des "SRD-2 mutant sterol regulatory element binding protein-2 (AREBP-2)" von <i>Cricetulus griseus</i>	269	2783	Hum. Chrom. 12 zw. D12S1648u. D12S1620 (53-65 cM)
32	ca. 5 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	humane Protein Kinase A Anker-Protein; bindet die regulatorische Untereinheit (RII) der Protein-Kinase A	265	3411	Hum. Chrom. 17 zw. D17S790u D17S794 (75-84 cM).

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
			Ausg.-länge		
14	im normalen Brust- und Prostatagewebe erhöht	unbekannt	225	1710	unbekt.
15	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	228	3159	unbekt.
16	im normalen Brustgewebe erhöht	humaner nuklearer Faktor I-B2	249	1708	unbekt.
18	im normalen Brustgewebe erhöht	humane Dermatopontin	188	1722	unbekt.
19	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	287	1612	unbekt.
20	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	144	387	unbekt.
21	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	248	1304	unbekt.
22	im normalen Brustgewebe erhöht	verwandt mit humanem inter-alpha-trypsin Inhibitor H (3)	288	1533	unbekt.
23	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	204	1304	unbekt.
24	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	291	2403	unbekt.
25	im normalen Brust- und Ovarialgewebe erhöht	unbekannt	286	2517	Chrom.2, D2S155- D2S2382
26	ca. 9 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	pi-Untereinheit des humanen GABA-A Rezeptors	268	1668	unbekt.
27	ca. 7 x stärker im normalen Brustgewebe als im entspr. Tumorgewebe	Collagen IV (Alpha-Kette)	238	1416	Hum. Chrom.13 (D13S1315)

TABELLE I

Lfd. Nr.	Expression	Funktion	EST Ausg.- länge	Länge der angemel. Sequenz	Chromos. Lokalisat.
1	im normalen Brustgewebe erhöht	humane Prä-mRNA splicing Faktor	205	2031	unbkt.
2	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	248	1081	Chrom.3, D3S1265- D3S1311
3	im normalen Brustgewebe erhöht	humane Homolog des Perilipin A aus Ratte	247	1318	unbkt.
4	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	256	731	unbkt.
5	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	237	2719	Chrom.15, D15S120- 15qter
10	im normalen Brustgewebe erhöht	humane Homolog des fsp-27	310	786	Chrom.3, D3S1597- D3S1263
11	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	239	1062	Chrom.17, D17S787- D17S792
12	im normalen Brustgewebe erhöht	unbekannt	241	1471	Chrom.2, D2S315- D2S2237
13	im normalen Brustgewebe erhöht	humane LOT1	214	2738	unbkt.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

5

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek

5 für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

10 Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15 Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST

25 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).

30 3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; 40 Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

45 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Brustgewebe gefunden werden.

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0190	0.0000	undef
	Gehirn 0.0017	0.0033	0.5161	1.9377
	Haematopoetisch 0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0012	0.0024	0.5267	1.8986
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0021	1.1186	0.8939
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Duenndarm 0.0031			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035			
35	FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0031			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust 0.0136			
	Eierstock-Uterus 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0735			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0010			
60	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0077			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5		Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
		Brust 0.0093	0.0000	undef	0.0000
10		Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
15		Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
20		Hoden	0.0000	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0024	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30		Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
		Entwicklung	0.0000		
		Gastrointestinal	0.0000		
40		Gehirn	0.0000		
		Haematopoetisch	0.0000		
		Herz-Blutgefaesse	0.0000		
		Lunge	0.0000		
		Niere	0.0000		
45		Prostata	0.0000		
		Sinnesorgane	0.0000		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
		Brust	0.0000		
		Eierstock-Uterus	0.0114		
		Endokrines_Gewebe	0.0245		
55		Foetal	0.0006		
		Gastrointestinal	0.0122		
		Haematopoetisch	0.0000		
		Haut-Muskel	0.0000		
		Hoden	0.0000		
60		Lunge	0.0000		
		Nerven	0.0010		
		Prostata	0.0000		
		Sinnesorgane	0.0000		
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse			
				N/T	T/N		
10	Blase	0.0511	0.0026	20.0033	0.0500		
	Brust	0.0506	0.0044	11.62	0.0861		
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000	undef		
	Endokrines_Gewebe	0.0128	0.0027	4.68	0.2133		
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef	0.0000		
	Gehirn	0.0059	0.0077	0.7741	1.2918		
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef	0.0000		
	Haut	0.0348	0.0000	undef	0.0000		
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356		
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000		
15	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144		
	Lunge	0.0025	0.0000	undef	0.0000		
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000		
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4996	2.0015		
	Niere	0.0535	0.0000	undef	0.0000		
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef		
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000		
	Prostata	0.0048	0.0064	0.7458	1.3409		
	Uterus	0.0215	0.0000	undef	0.0000		
	Brust-Hyperplasie	0.1090					
20	Duenndarm	0.0125					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	25	FOETUS %Haeufigkeit					
		Entwicklung	0.0615				
		Gastrointestinal	0.0031				
		Gehirn	0.0000				
		Haematopoetisch	0.0000				
Herz-Blutgefaesse		0.0573					
Lunge		0.0037					
Niere		0.0000					
Prostata		0.0000					
Sinnesorgane		0.0279					
30	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	Brust	0.0272					
	Eierstock-Uterus	0.0183					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0117					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0194					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
35	Nerven	0.0161					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	40	FOETUS %Haeufigkeit					
		Entwicklung	0.0615				
		Gastrointestinal	0.0031				
		Gehirn	0.0000				
		Haematopoetisch	0.0000				
		Herz-Blutgefaesse	0.0573				
		Lunge	0.0037				
Niere		0.0000					
Prostata		0.0000					
Sinnesorgane		0.0279					
45	FOETUS %Haeufigkeit						
	Brust	0.0272					
	Eierstock-Uterus	0.0183					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0117					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0194					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
50	Nerven	0.0161					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	FOETUS %Haeufigkeit						
	Brust	0.0272					
	Eierstock-Uterus	0.0183					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0117					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
55	Haut-Muskel	0.0194					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0161					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	FOETUS %Haeufigkeit						
	Brust	0.0272					
	Eierstock-Uterus	0.0183					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
60	Foetal	0.0117					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0194					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0161					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
				N/T	T/N	
10	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
	Brust	0.0107	0.0000	undef	0.0000	
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0027	0.0000	undef	
	Gastrointestinal	0.0078	0.0000	undef	0.0000	
	Gehirn	0.0017	0.0055	0.3096	3.2295	
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef	0.0000	
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef	
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef		
Lunge	0.0012	0.0024	0.5267	1.8986		
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef		
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef		
Niere	0.0089	0.0000	undef	0.0000		
Pankreas	0.0019	0.0000	undef	0.0000		
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000		
Prostata	0.0095	0.0043	2.2373	0.4470		
Uterus	0.0017	0.0071	0.2321	4.3088		
Brust-Hyperplasie	0.0000					
Duenndarm	0.0000					
Prostata-Hyperplasie	0.0059					
Samenblase	0.0000					
Sinnesorgane	0.0000					
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009					
35	FOETUS					
	%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointestinal	0.0092				
	Gehirn	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0039				
	Herz-Blutgefaesse	0.0000				
	Lunge	0.0000				
	Niere	0.0062				
	Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit					
	Brust	0.0068				
	Eierstock-Uterus	0.0068				
	Endokrines_Gewebe	0.0000				
	Foetal	0.0035				
	Gastrointestinal	0.0000				
	Haematopoetisch	0.0171				
	Haut-Muskel	0.0097				
	Hoden	0.0000				
Lunge	0.0082					
Nerven	0.0030					
Prostata	0.0128					
Sinnesorgane	0.0000					
65						

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5				
10		Blase 0.0232 Brust 0.0173 Eierstock 0.0091 Endokrines_Gewebe 0.0055 Gastrointestinal 0.0039 Gehirn 0.0034 Haematopoetisch 0.0028 Haut 0.0050 Hepatisch 0.0000 Herz 0.0053 Hoden 0.0000 Lunge 0.0062	0.0051 0.0044 0.0000 0.0163 0.0048 0.0131 0.0000 0.0000 0.0129 0.0000 0.0000 0.0047	4.5462 0.2200 3.9753 0.2516 undef 0.0000 0.3349 2.9861 0.8143 1.2281 0.2580 3.8754 undef 0.0000 undef 0.0000 0.0000 undef undef 0.0000 undef undef 1.3168 0.7594
15		Magen-Speiseroehre 0.0097 Muskel-Skelett 0.0034 Niere 0.0119 Pankreas 0.0076 Penis 0.0150 Prostata 0.0071 Uterus 0.0165	0.0077 0.0000 0.0000 0.0166 0.0000 0.0085 0.0000	1.2599 0.7937 undef 0.0000 undef 0.0000 0.4571 2.1876 undef 0.0000 0.8390 1.1919 undef 0.0000
20		Brust-Hyperplasie 0.0073 Duenndarm 0.0031 Prostata-Hyperplasie 0.0059 Samenblase 0.0000 Sinnesorgane 0.0000		
30		Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
35		FOETUS %Haeufigkeit		
40		Entwicklung 0.0000 Gastrointenstinal 0.0062 Gehirn 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Herz-Blutgefaesse 0.0123 Lunge 0.0074 Niere 0.0000		
45		Prostata 0.0000 Sinnesorgane 0.0000		
50		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
55		Brust 0.0068 Eierstock-Uterus 0.0091 Endokrines_Gewebe 0.0000 Foetal 0.0064 Gastrointestinal 0.0000 Haematopoetisch 0.0000 Haut-Muskel 0.0065 Hoden 0.0156 Lunge 0.0246 Nerven 0.0040 Prostata 0.0000 Sinnesorgane 0.0155		
60				
65				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0186	0.0026	7.2739	0.1375
	Brust 0.0666	0.0044	15.2895	0.0654
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0347	0.0436	0.7954	1.2573
	Gastrointestinal 0.0078	0.0095	0.8143	1.2281
	Gehirn 0.0288	0.0077	3.7599	0.2660
	Haematopoetisch 0.0028	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0497	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0498	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0125	0.0095	1.3168	0.7594
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0420	0.2039	4.9036
	Niere 0.0178	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0799			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0070			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0031			
	Gehirn 0.0313			
	Haematopoetisch 0.0039			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
	Lunge 0.0074			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0272			
50	Eierstock-Uterus 0.0068			
	Endokrines_Gewebe 0.0245			
	Foetal 0.0099			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0156			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0120			
60	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0051	0.0033	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0059	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0000
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0105
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
60	Sinnesorgane	0.0077

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0077	0.6062	1.6497
	Brust	0.0253	0.0044	5.8100	0.1721
	Eierstock	0.0152	0.0312	0.4869	2.0537
10	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0163	0.8930	1.1198
	Gastrointestinal	0.0078	0.0048	1.6285	0.6141
	Gehirn	0.0170	0.0110	1.5482	0.6459
	Haematopoetisch	0.0056	0.0378	0.1478	6.7637
	Haut	0.0099	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0050	0.0065	0.7651	1.3069
	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0050	0.0118	0.4214	2.3732
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0300	0.0571	17.5127
	Niere	0.0297	0.0205	1.4472	0.6910
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0048	0.0085	0.5593	1.7879
	Uterus	0.0198	0.0142	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0327			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0..0123			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
40	Herz-Blutgefaesse	0.0123			
	Lunge	0.0259			
	Niere	0.0124			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
	Brust	0.0136			
50	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
55	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0156			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0141			
	Prostata	0.0064			
60	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0232	0.0051	4.5462	0.2200
	Brust 0.0506	0.0044	11.62000	0.0861
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0036	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0034	0.0000	undef	0.0000
15	Haematopoetisch 0.0028	0.0378	0.0739	13.5274
	Haut 0.0348	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0254	0.0137	1.8498	0.5406
20	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0025	0.0071	0.3511	2.8478
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0240	0.0714	14.0102
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0024	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0017	0.0000	undef	0.0000
30	Brust-Hyperplasie 0.0872			
	Duenndarm 0.0093			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0044			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0062			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0157			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0082			
	Lunge 0.0074			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
	Eierstock-Uterus 0.0023			
50	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0035			
	Gastrointestinal 0.0122			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0020			
	Prostata 0.0064			
	Sinnesorgane 0.0000			
60				
65				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust 0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5843	1.7114
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0054	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0008	0.0033	0.2580	3.8754
	Haematopoetisch 0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge 0.0062	0.0071	0.8779	1.1391
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0033	0.0071	0.4642	2.1544
	Brust-Hyperplasie 0.0036			
	Duenndarm 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	FOETUS			
35	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0236			
40	Herz-Blutgefaesse 0.0082			
	Lunge 0.0074			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
50	Eierstock-Uterus 0.0046			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0023			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
55	Haut-Muskel 0.0130			
	Hoden 0.0078			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0020			
60	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0139	0.0026	5.4554 0.1833
	Brust	0.0093	0.0022	4.2811 0.2336
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0082	0.4465 2.2395
	Gastrointestinal	0.0000	0.0095	0.0000 undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0085	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0012	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Uterus	0.0066	0.0214	0.3094 3.2316
	Brust-Hyperplasie	0.0109		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0178		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0062		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000		
50	Eierstock-Uterus	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0070		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
55	Haut-Muskel	0.0065		
	Hoden	0.0078		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0064		
60	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0232	0.0102	2.2731	0.4399
	Brust	0.0240	0.0065	3.6695	0.2725
	Eierstock	0.0213	0.0416	0.5113	1.9559
10	Endokrines_Gewebe	0.0237	0.0027	8.7071	0.1148
	Gastrointestinal	0.0213	0.0381	0.5598	1.7863
	Gehirn	0.0136	0.0099	1.3762	0.7266
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0248	0.0129	1.9129	0.5228
	Herz	0.0191	0.0137	1.3873	0.7208
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0112	0.0095	1.1851	0.8438
20	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8565	1.1675
	Niere	0.0149	0.0205	0.7236	1.3820
	Pankreas	0.0076	0.0055	1.3713	0.7292
	Penis	0.0269	0.0267	1.0108	0.9893
	Prostata	0.0333	0.0170	1.9576	0.5108
	Uterus	0.0099	0.0071	1.3925	0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0145			
	Duenndarm	0.0343			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0062
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Herz-Blutgefaesse	0.0082
	Lunge	0.0000
	Niere	0.0062
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0140

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust	0.0000
	Eierstock-Uterus	0.0137
50	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0244
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0227
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0385
60	Sinnesorgane	0.0155

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0232	0.0204	1.1366 0.8799
	Brust	0.0267	0.0087	3.0579 0.3270
	Eierstock	0.0304	0.0130	2.3372 0.4279
10	Endokrines_Gewebe	0.0529	0.0735	0.7194 1.3901
	Gastrointestinal	0.0174	0.0048	3.6642 0.2729
	Gehirn	0.0170	0.0208	0.8148 1.2272
	Haematopoetisch	0.0070	0.0378	0.1848 5.4110
	Haut	0.0199	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0198	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0180	0.0550	0.3276 3.0528
	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447 0.9572
	Lunge	0.0249	0.0118	2.1069 0.4746
20	Magen-Speiseroehre	0.0386	0.0153	2.5198 0.3968
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0180	0.6662 1.5011
	Niere	0.0089	0.0068	1.3025 0.7678
	Pankreas	0.0170	0.0055	3.0855 0.3241
	Penis	0.0509	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0357	0.0149	2.3971 0.4172
	Uterus	0.0297	0.0214	1.3925 0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0178		
	Samenblase	0.0267		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0154
	Gastrointenstinal	0.0185
	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0000
40	Herz-Blutgefaesse	0.0491
	Lunge	0.0037
	Niere	0.0432
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
45		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
		: Brust 0.0272
50	Eierstock-Uterus	0.0342
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0157
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
55	Haut-Muskel	0.0648
	Hoden	0.0312
	Lunge	0.0246
	Nerven	0.0151
60	Prostata	0.0192
	Sinnesorgane	0.0697

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5					
	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2922	3.4228
10	Endokrines_Gewebe	0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214	0.8187
	Gehirn	0.0119	0.0131	0.9031	1.1073
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0183	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0037	0.0024	1.5801	0.6329
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
	Niere	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797	3.5758
	Uterus	0.0083	0.0142	0.5802	1.7235
	Brust-Hyperplasie	0.0073			
	Duenndarm	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0307			
	Gastrointestinal	0.0123			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0023			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
55	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0078			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0271			
60	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0046	0.0051	0.9092	1.0998
	Brust 0.0306	0.0022	14.0663	0.0711
	Eierstock 0.0030	0.0078	0.3895	2.5671
10	Endokrines_Gewebe 0.0055	0.0027	2.0093	0.4977
	Gastrointestinal 0.0058	0.0238	0.2443	4.0937
	Gehirn 0.0068	0.0022	3.0964	0.3230
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz 0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0075	0.0047	1.5801	0.6329
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2855	3.5025
20	Niere 0.0030	0.0068	0.4342	2.3033
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0024	0.0043	0.5593	1.7879
	Uterus 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0145			
	Duenndarm 0.0125			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0235			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0062			
	Gehirn 0.0063			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Herz-Blutgefaesse 0.0000			
40	Lunge 0.0074			
	Niere 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0068			
	Eierstock-Uterus 0.0137			
50	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0052			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
55	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0020			
	Prostata 0.0128			
	Sinnesorgane 0.0155			
60				
65				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0186	0.0051	3.6370 0.2750
	Brust	0.0160	0.0044	3.6695 0.2725
	Eierstock	0.0061	0.0052	1.1686 0.8557
10	Endokrines_Gewebe	0.0201	0.1634	0.1228 8.1438
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0305	0.0110	2.7868 0.3588
	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0244	0.0275	0.9864 1.1282
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0050	0.0047	1.0534 0.9493
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9985 0.5004
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000 undef
20	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Penis	0.0359	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0119	0.0149	0.7990 1.2515
	Uterus	0.0099	0.0071	1.3925 0.7181
	Brust-Hyperplasie	0.0109		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0353		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0092		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0082		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0140		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068		
	Eierstock-Uterus	0.0046		
50	Endokrines_Gewebe	0.0490		
	Foetal	0.0035		
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0114		
	Haut-Muskel	0.0000		
55	Hoden	0.0156		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0161		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				
65				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0008	0.0011	0.7741 1.2918
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0025	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0071	0.0021	3.3559 0.2980
	Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0031		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	FOETUS			
		%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0074		
	Niere	0.0062		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0279		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0082		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0097		
	Hoden	0.0156		
55	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0040		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58 .

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust	0.0107	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0213	0.0026	3.1803 0.1222
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0054	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0212	0.0077	2.7647 0.3617
	Haematopoetisch	0.0000	0.0373	0.0000 undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0244	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0087	0.0047	1.8435 0.5424
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2855 3.5025
	Niere	0.0030	0.0068	0.4342 2.3033
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus	0.0033	0.0142	0.2321 4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0031		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0062		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0111		
	Niere	0.0062		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0047		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
55	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0050		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0155		
60				
65				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase 0.0046	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0227	0.0044	5.1984 0.1924
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0018	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0058	0.0048	1.2214 0.8187
	Gehirn 0.0059	0.0011	5.4187 0.1845
	Haematopoetisch 0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0446	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0095	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0075	0.0071	1.0534 0.9493
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0307	0.3150 3.1748
	Muskel-Skelett 0.0120	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0208	0.0068	3.0391 0.3290
	Pankreas 0.0038	0.0110	0.3428 2.9168
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0119	0.0106	1.1186 0.8939
	Uterus 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0254		
	Duenndarm 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0383		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0118
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
40	Niere 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
45	Brust 0.0068	
	Eierstock-Uterus 0.0137	
50	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0122	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0057	
	Haut-Muskel 0.0065	
55	Hoden 0.0156	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0070	
	Prostata 0.0128	
	Sinnesorgane 0.0000	

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO:55

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0325	0.0102	3.1823 0.3142
	Brust	0.0573	0.0109	5.2596 0.1901
	Eierstock	0.0334	0.0078	4.2849 0.2334
	Endokrines_Gewebe	0.0347	0.0218	1.5907 0.6286
10	Gastrointestinal	0.0465	0.0238	1.9542 0.5117
	Gehirn	0.0263	0.0361	0.7272 1.3752
	Haematopoetisch	0.0098	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0497	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.1139	0.0647	1.7598 0.5682
	Herz	0.0424	0.0550	0.7707 1.2974
15	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447 0.9572
	Lunge	0.0473	0.0236	2.0015 0.4996
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0383	0.7560 1.3228
	Muskel-Skelett	0.0206	0.0060	3.4261 0.2919
20	Niere	0.0654	0.0274	2.3879 0.4188
	Pankreas	0.0133	0.0276	0.4800 2.0835
	Penis	0.0509	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0238	0.0149	1.5980 0.6258
	Uterus	0.0198	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0254		
	Duenndarm	0.0343		
	Prostata-Hyperplasie	0.0238		
	Samenblase	0.0801		
	Sinnesorgane	0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113		

		FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0307
	Gastrointenstinal	0.0277
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
	Herz-Blutgefaesse	0.0082
	Lunge	0.0074
40	Niere	0.0124
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
45	Brust	0.0068
	Eierstock-Uterus	0.0205
50	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0163
	Gastrointestinal	0.0732
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0259
55	Hoden	0.0156
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0191
	Prostata	0.0064
	Sinnesorgane	0.0542

60

65

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123	0.8249
	Brust	0.0200	0.0044	4.5868	0.2130
	Eierstock	0.0152	0.0104	1.4608	0.6846
	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0054	1.6745	0.5972
10	Gastrointestinal	0.0039	0.0048	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0110	0.0033	3.3545	0.2981
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0149	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0071	0.8779	1.1391
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2141	4.6701
	Niere	0.0178	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas	0.0019	0.0110	0.1714	5.8337
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0043	2.7966	0.3576
	Uterus	0.0050	0.0214	0.2321	4.3088
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Duenndarm	0.0062			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0540			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointenstinal	0.0123			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Herz-Blutgefaesse	0.0082			
	Lunge	0.0037			
40	Niere	0.0185			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0558			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0046			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
50	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0064			
	Sinnesorgane	0.0310			
60					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust	0.0213	0.0044	4.8926 0.2044
	Eierstock	0.0091	0.0182	0.5008 1.9967
10	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0191	0.4784 2.0902
	Gastrointestinal	0.0019	0.0190	0.1018 9.8248
	Gehirn	0.0034	0.0066	0.5161 1.9377
15	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz	0.0106	0.0000	undef 0.0000
20	Hoden	0.0183	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0075	0.0095	0.7901 1.2657
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0059	0.0137	0.4342 2.3033
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0150	0.1066	0.1404 7.1232
	Prostata	0.0119	0.0064	1.8644 0.5364
	Uterus	0.0182	0.0071	2.5529 0.3917
	Brust-Hyperplasie	0.0254		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0089		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
			FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0204		
40	Lunge	0.0370		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0279		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0136		
	Eierstock-Uterus	0.0000		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0087		
	Gastrointestinal	0.0122		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0130		
	Hoden	0.0000		
55	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0010		
	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0046	0.0026	1.8185 0.5499
	Brust	0.0133	0.0022	6.1158 0.1635
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396 0.7465
	Gastrointestinal	0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580 3.3754
15	Haematopoetisch	0.0014	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
20	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1420 0.8756
	Niere	0.0149	0.0000	undef 0.0000
25	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0000	undef 0.0000
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642 2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0000		
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
			FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefaesse	0.0041		
	Lunge	0.0037		
	Niere	0.0062		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0136		
	Eierstock-Uterus	0.0046		
50	Endokrines_Gewebe	0.0490		
	Foetal	0.0198		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0020		
	Prostata	0.0192		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				
65				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0093	0.0077	1.2123 0.8249
	Brust	0.0133	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0078	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal	0.0097	0.0095	1.0178 0.9825
	Gehirn	0.0025	0.0099	0.2580 3.8754
	Haematopoetisch	0.0084	0.0378	0.2218 4.5091
	Haut	0.0099	0.0847	0.1175 8.5131
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303 0.6535
15	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0100	0.0095	1.0534 0.9493
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0060	5.7101 0.1751
20	Niere	0.0000	0.0137	0.0000 undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0071	0.0043	1.6779 0.5960
	Uterus	0.0033	0.0071	0.4642 2.1544
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0062		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0209		
			FOETUS %Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0039		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
40	Niere	0.0062		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0000		
	Eierstock-Uterus	0.0160		
50	Endokrines_Gewebe	0.0735		
	Foetal	0.0140		
	Gastrointestinal	0.0366		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0010		
	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust	0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0091	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0109	0.0000 undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0008	0.0033	0.2580 3.8754
	Haematopoetisch	0.0028	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0386	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428 7.0051
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas	0.0019	0.0055	0.3428 2.9168
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0043	0.5593 1.7879
	Uterus	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
			FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0062		
	Gehirn	0.0063		
	Haematopoetisch	0.0079		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0074		
	Niere	0.0124		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0140		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust	0.0204		
	Eierstock-Uterus	0.0091		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0227		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0097		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0030		
	Prostata	0.0128		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0186	0.0077	2.4246	0.4124
	Brust	0.0293	0.0087	3.3637	0.2973
	Eierstock	0.0091	0.0234	0.3895	2.5671
10	Endokrines_Gewebe	0.0091	0.0327	0.2791	3.5833
	Gastrointestinal	0.0116	0.0143	0.8143	1.2281
	Gehirn	0.0110	0.0110	1.0063	0.9937
	Haematopoetisch	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0199	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0065	2.2954	0.4356
	Herz	0.0392	0.0000	undef	0.0000
15	Hoden	0.0122	0.0117	1.0447	0.9572
	Lunge	0.0224	0.0071	3.1603	0.3164
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0230	0.4200	2.3811
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6281	1.5921
20	Niere	0.0119	0.0137	0.8683	1.1517
	Pankreas	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0150	0.0267	0.5615	1.7808
	Prostata	0.0238	0.0128	1.8644	0.5364
	Uterus	0.0198	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0182			
	Duenndarm	0.0125			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0252			
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
35	Entwicklung	0.0154			
	Gastrointestinal	0.0092			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Herz-Blutgefaesse	0.0245			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0279			
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock-Uterus	0.0297			
50	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0251			
	Gastrointestinal	0.0732			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0615			
55	Hoden	0.0234			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0171			
	Prostata	0.0192			
	Sinnesorgane	0.0232			
60					
65					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T T/N
5	Blase	0.0186	0.0077	2.4246 0.4124
	Brust	0.0133	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0036	0.0027	1.3396 0.7465
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0033	0.5161 1.9377
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0149	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.1494	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0162	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0394	0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0106	0.2237 4.4697
	Uterus	0.0116	0.0142	0.8123 1.2311
	Brust-Hyperplasie	0.0036		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.1472		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408		
	Eierstock-Uterus	0.0274		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0012		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0130		
55	Hoden	0.0234		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				
65				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000 undef
	Brust	0.0133	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0062	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0021	1.1186 0.8939
	Uterus	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Duenndarm	0.0031		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068		
	Eierstock-Uterus	0.0023		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0006		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0000		
55	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
60				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase	0.0046	0.0281	0.1653	6.0490
	Brust	0.0120	0.0022	5.5042	0.1817
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2922	3.4228
10	Endokrines_Gewebe	0.0146	0.0245	0.5954	1.6797
	Gastrointestinal	0.0116	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0432	0.0142	3.0369	0.3293
	Haematopoetisch	0.0070	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0050	0.0847	0.0587	17.0262
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0159	0.0137	1.1561	0.8650
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224	1.9144
	Lunge	0.0037	0.0165	0.2257	4.4300
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6269
	Niere	0.0178	0.0068	2.6050	0.3839
20	Pankreas	0.0057	0.0055	1.0285	0.9723
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0119	0.0064	1.8644	0.5364
	Uterus	0.0066	0.0214	0.3094	3.2316
	Brust-Hyperplasie	0.0036			
	Duenndarm	0.0156			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
			FOETUS		
			%Haeufigkeit		
35	Entwicklung	0.0615			
	Gastrointenstinal	0.0062			
	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Herz-Blutgefaesse	0.0164			
40	Lunge	0.0074			
	Niere	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0140			
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
			%Haeufigkeit		
	Brust	0.0136			
	Eierstock-Uterus	0.0320			
50	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0389			
	Hoden	0.0000			
55	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0261			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0200	0.0022	9.1737 0.1090
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0058	0.0048	1.2214 0.8187
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0056	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0249	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0038	0.0055	0.6857 1.4584
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0254		
	Duenndarm	0.0125		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009		
			FOETUS %Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0031		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40			Lunge	0.0000
			Niere	0.0000
			Prostata	0.0000
			Sinnesorgane	0.0000
45				NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
			Brust	0.0000
50	Eierstock-Uterus	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
55	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
	Prostata	0.0064		
60	Sinnesorgane	0.0000		

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0128	0.0000 undef
	Brust	0.0173	0.0044	3.9753 0.2516
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0018	0.0027	0.6698 1.4930
	Gastrointestinal	0.0019	0.0143	0.1357 7.3686
	Gehirn	0.0017	0.0066	0.2580 3.8754
	Haematopoetisch	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0099	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0099	0.0065	1.5303 0.6535
15	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0061	0.0117	0.5224 1.9144
	Lunge	0.0062	0.0118	0.5267 1.8986
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0240	0.0714 14.0102
	Niere	0.0119	0.0068	1.7366 0.5758
20	Pankreas	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0024	0.0085	0.2797 3.5758
	Uterus	0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0073		
	Duenndarm	0.0093		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0044		
			FOETUS	
			%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
40	Lunge	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
45			NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
			%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068		
	Eierstock-Uterus	0.0068		
50	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0035		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0065		
	Hoden	0.0000		
55	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0070		
	Prostata	0.0064		
	Sinnesorgane	0.0000		